



REC'D 18 FEB 2005

WIPO PCT

BREVET D'INVENTION

CERTIFICAT D'UTILITÉ - CERTIFICAT D'ADDITION**COPIE OFFICIELLE**

Le Directeur général de l'Institut national de la propriété industrielle certifie que le document ci-annexé est la copie certifiée conforme d'une demande de titre de propriété industrielle déposée à l'Institut.

Fait à Paris, le 07 DEC. 2004

Pour le Directeur général de l'Institut
national de la propriété industrielle
Le Chef du Département des brevets

Martine PLANCHE

DOCUMENT DE PRIORITÉ

PRÉSENTÉ OU TRANSMIS
CONFORMÉMENT À LA
RÈGLE 17.1.a) OU b)

BEST AVAILABLE COPY

INSTITUT
NATIONAL DE
LA PROPRIÉTÉ
INDUSTRIELLE

SIEGE
26 bis, rue de Saint-Petersbourg
75800 PARIS cedex 08
Téléphone : 33 (0)1 53 04 53 04
Télécopie : 33 (0)1 53 04 45 23
www.inpi.fr



26 bis, rue de Saint Pétersbourg
75800 Paris Cedex 08
Téléphone : 33 (1) 53 04 53 04 Télécopie : 33 (1) 42 94 86 54

BREVET D'INVENTION CERTIFICAT D'UTILITÉ

Code de la propriété intellectuelle - Livre VI



REQUÊTE EN DÉLIVRANCE page 1/2



Cet imprimé est à remplir lisiblement à l'encre noire

DB 540 09/ 210502

2 DEC 2003 REMISE DES DÉPÔTS DATE 02 DEC. 2003 LIEU 75 INPI PARIS B N° D'ENREGISTREMENT NATIONAL ATTRIBUÉ PAR L'INPI DATE DE DÉPÔT ATTRIBUÉE PAR L'INPI 02 DEC. 2003		1 NOM ET ADRESSE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE À QUI LA CORRESPONDANCE DOIT ÊTRE ADRESSÉE ■ CABINET ORES ■ 36 rue de St Pétersbourg 75008 PARIS ■	
Vos références pour ce dossier (facultatif) BLOcp226/111FR		<input type="checkbox"/> N° attribué par l'INPI à la télécopie	
2 NATURE DE LA DEMANDE		Cochez l'une des 4 cases suivantes	
Demande de brevet		<input checked="" type="checkbox"/>	
Demande de certificat d'utilité		<input type="checkbox"/>	
Demande divisionnaire		<input type="checkbox"/>	
Demande de brevet initiale ou demande de certificat d'utilité initiale		N°	Date
		N°	Date
Transformation d'une demande de brevet européen		<input type="checkbox"/>	
Demande de brevet initiale		N°	Date
3 TITRE DE L'INVENTION (200 caractères ou espaces maximum) UTILISATION DES PROTEINES ET DES PEPTIDES CODES PAR LE GENOME D'UNE NOUVELLE SOUCHE DE CORONAVIRUS ASSOCIE AU SRAS.			
4 DÉCLARATION DE PRIORITÉ OU REQUÊTE DU BÉNÉFICE DE LA DATE DE DÉPÔT D'UNE DEMANDE ANTÉRIEURE FRANÇAISE		Pays ou organisation Date <input type="text"/> N° Pays ou organisation Date <input type="text"/> N° Pays ou organisation Date <input type="text"/> N° <input type="checkbox"/> S'il y a d'autres priorités, cochez la case et utilisez l'imprimé «Suite»	
5 DEMANDEUR (Cochez l'une des 2 cases)		<input checked="" type="checkbox"/> Personne morale <input type="checkbox"/> Personne physique	
Nom ou dénomination sociale		INSTITUT PASTEUR	
Prénoms			
Forme juridique		Etablissement public	
N° SIREN		<input type="text"/>	
Code APE-NAF		<input type="text"/>	
Domicile ou siège	Rue	25-28 rue du Docteur Roux	
	Code postal et ville	75 157 24 PARIS Cedex 15	
	Pays	FRANCE	
Nationalité		Française	
N° de téléphone (facultatif)		N° de télécopie (facultatif)	
Adresse électronique (facultatif)			
<input checked="" type="checkbox"/> S'il y a plus d'un demandeur, cochez la case et utilisez l'imprimé «Suite»			



BREVET D'INVENTION CERTIFICAT D'UTILITÉ

REQUÊTE EN DÉLIVRANCE
page 2/2

BR2

REMISE DES PAGES
DATE **2 DEC 2003**
LIEU **75 INPI PARIS B**
N° D'ENREGISTREMENT **0314151**
NATIONAL ATTRIBUÉ PAR L'INPI

DB 540 W / 210502

6 MANDATAIRE (s'il y a lieu)		
Nom	ORES	
Prénom	Béatrice	
Cabinet ou Société	CABINET ORES	
N° de pouvoir permanent et/ou de lien contractuel		
Adresse	Rue	36 rue de St Pétersbourg
	Code postal et ville	75 008 PARIS
	Pays	FRANCE
N° de téléphone (facultatif)	01.53.21.11.00.	
N° de télécopie (facultatif)	01.53.21.08.88.	
Adresse électronique (facultatif)	ores@cabinet-ores.com	
7 INVENTEUR (S)		Les inventeurs sont nécessairement des personnes physiques.
Les demandeurs et les inventeurs sont les mêmes personnes	<input type="checkbox"/> Oui <input checked="" type="checkbox"/> Non : Dans ce cas remplir le formulaire de Désignation d'inventeur(s)	
8 RAPPORT DE RECHERCHE		Uniquement pour une demande de brevet (y compris division et transformation)
Établissement immédiat ou établissement différé	<input checked="" type="checkbox"/> Établissement immédiat <input type="checkbox"/> Établissement différé	
Paiement échelonné de la redevance (en deux versements)	Uniquement pour les personnes physiques effectuant elles-mêmes leur propre dépôt <input type="checkbox"/> Oui <input type="checkbox"/> Non	
9 RÉDUCTION DU TAUX DES REDEVANCES		Uniquement pour les personnes physiques <input type="checkbox"/> Requête pour la première fois pour cette invention (joindre un avis de non-imposition) <input type="checkbox"/> Obtenue antérieurement à ce dépôt pour cette invention (joindre une copie de la décision d'admission à l'assistance gratuite ou indiquer sa référence): AG [] [] [] [] []
10 SÉQUENCES DE NUCLEOTIDES ET/OU D'ACIDES AMINÉS		<input checked="" type="checkbox"/> Cochez la case si la description contient une liste de séquences
Le support électronique de données est joint	<input checked="" type="checkbox"/>	
La déclaration de conformité de la liste de séquences sur support papier avec le support électronique de données est jointe	<input checked="" type="checkbox"/>	
Si vous avez utilisé l'imprimé «Suite», Indiquez le nombre de pages jointes	1	
11 SIGNATURE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE (Nom et qualité du signataire) Le Mandataire, Béatrice ORES (n° 92-4046)		VISA DE LA PRÉFECTURE OU DE L'INPI



26 bis, rue de Saint Pétersbourg
75800 Paris Cedex 08
Téléphone : 33 (1) 53 04 53 04 Télécopie : 33 (1) 42 94 86 54

BREVET D'INVENTION CERTIFICAT D'UTILITÉ

Code de la propriété Intellectuelle - Livre VI



REQUÊTE EN DÉLIVRANCE

Page suite N° 1.../1...



RESERVÉ À L'INPI

REMISSÉ DES FICHES 2 DEC 2003

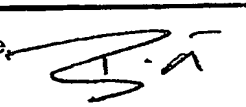
DATE 75 INPI PARIS B

LIEU 0314151

N° D'ENREGISTREMENT NATIONAL ATTRIBUÉ PAR L'INPI

Cet imprimé est à remplir lisiblement à l'encre noire

DB 829 @ W / 010702

Vos références pour ce dossier (facultatif)		BLOcp226/111FR	
4 DÉCLARATION DE PRIORITÉ OU REQUÊTE DU BÉNÉFICE DE LA DATE DE DÉPÔT D'UNE DEMANDE ANTÉRIEURE FRANÇAISE		Pays ou organisation Date <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> N° Pays ou organisation Date <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> N° Pays ou organisation Date <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> N°	
5 DEMANDEUR (Cochez l'une des 2 cases)		<input checked="" type="checkbox"/> Personne morale <input type="checkbox"/> Personne physique	
Nom ou dénomination sociale		CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE	
Prénoms			
Forme juridique		Etablissement public	
N° SIREN		<input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/>	
Code APE-NAF		<input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/>	
Domicile ou siège	Rue	3 rue Michel-Ange	
	Code postal et ville	[7] [5] [7] [9] [4] PARIS Cedex 16	
	Pays	FRANCE	
Nationalité		Française	
N° de téléphone (facultatif)			
N° de télécopie (facultatif)			
Adresse électronique (facultatif)			
5 DEMANDEUR (Cochez l'une des 2 cases)		<input type="checkbox"/> Personne morale <input type="checkbox"/> Personne physique	
Nom ou dénomination sociale			
Prénoms			
Forme juridique			
N° SIREN		<input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/>	
Code APE-NAF		<input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/>	
Domicile ou siège	Rue		
	Code postal et ville	<input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/>	
	Pays		
Nationalité			
N° de téléphone (facultatif)			
N° de télécopie (facultatif)			
Adresse électronique (facultatif)			
11 SIGNATURE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE (Nom et qualité du signataire)		VISA DE LA PRÉFECTURE OU DE L'INPI	
Le Mandataire,  Béatrice ORES (n° 92-4046)			

La loi n°78-17 du 6 janvier 1978 relative à l'informatique, aux fichiers et aux libertés s'applique aux réponses faites à ce formulaire.
Elle garantit un droit d'accès et de rectification pour les données vous concernant auprès de l'INPI

La présente invention est relative à une nouvelle souche de coronavirus associé au syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS), issue d'un prélèvement répertorié sous le n° 031589 et prélevé à Hanoi (Vietnam), à des molécules d'acide nucléique issues de son génome, aux protéines et peptides codés par lesdites
5 molécules d'acide nucléique ainsi qu'à leurs applications, notamment en tant que réactifs de diagnostic et/ou comme vaccin.

Le coronavirus est un virus à ARN monocaténaire, de polarité positive, d'approximativement 30 kilobases qui se réplique dans le cytoplasme des cellules hôtes ; l'extrémité 5' du génome a une structure en coiffe et l'extrémité 3' comporte
10 une queue polyA. Ce virus est enveloppé et comprend, à sa surface, -des structures péplomériques- dénommées spicules.

Le génome comprend les cadres ouverts de lecture ou ORF suivants, de son extrémité 5' vers son extrémité 3' : ORF1a et ORF1b correspondant aux protéines du complexe de transcription-réplication, et ORF-S, ORF-E, ORF-M et
15 ORF-N correspondant aux protéines structurales S, E, M et N. Il comprend également des ORFs correspondant à des protéines de fonction inconnue codées par : la région située entre l'ORF-S et l'ORF-E et chevauchant cette dernière, la région située entre l'ORF-M et l'ORF-N, et la région incluse dans l'ORF-N.

La protéine S est une glycoprotéine membranaire (200-220 kDa) qui
20 se présente sous la forme de spicules ou "Spike" émergeant de la surface de l'enveloppe virale. Elle est responsable de l'attachement du virus aux récepteurs de la cellule hôte et de l'induction de la fusion de l'enveloppe virale avec la membrane cellulaire.

La petite protéine d'enveloppe (E) également dénommée sM (*small*
25 *membrane*) qui est une protéine trans-membranaire non glycosylée d'environ 10 kDa, est la protéine présente en plus faible quantité dans le virion. Elle joue un rôle moteur dans le processus de bourgeonnement des coronavirus qui se produit au niveau du compartiment intermédiaire dans le réticulum endoplasmique et l'appareil de Golgi

La protéine M ou protéine de matrice (25-30 kDa) est une glyco-
30 protéine membranaire plus abondante qui est intégrée dans la particule virale par une interaction M/E, tandis que l'incorporation de S dans les particules est dirigée par une interaction S/M. Elle semble être importante pour la maturation virale des coronavirus

et pour la détermination du site au niveau duquel les particules virales sont assemblées.

La protéine N ou protéine de nucléocapside (45-50 kDa) qui est la plus conservée parmi les protéines structurales des coronavirus, est nécessaire pour encapsider l'ARN génomique puis pour diriger son incorporation dans le virion. Cette protéine est vraisemblablement également impliquée dans la réplication de l'ARN.

Lorsqu'une cellule hôte est infectée, le cadre de lecture (ORF) situé en 5' du génome viral est traduit en une polyprotéine qui est clivée par les protéases virales et libère alors plusieurs protéines non-structurales telles que l'ARN-polymérase ARN dépendante (Rep) et l'ATPase hélicase (Hel). Ces deux protéines sont impliquées dans la réplication du génome viral ainsi que dans la génération de transcrits qui sont utilisés dans la synthèse des protéines virales. Les mécanismes par lesquels ces ARNms sub-génomiques sont produits, ne sont pas complètement compris ; cependant des faits récents indiquent que les séquences de régulation de la transcription à l'extrémité 5' de chaque gène représentent des signaux qui régulent la transcription discontinue des ARNms sub-génomiques.

Les protéines de la membrane virale (protéines S, E et M) sont insérées dans le compartiment intermédiaire, alors que l'ARN répliqué (brin +) s'assemble avec la protéine N (nucléocapside). Ce complexe protéine-ARN s'associe ensuite avec la protéine M incluse dans les membranes du réticulum endoplasmique et les particules virales se forment lorsque le complexe de la nucléocapside bourgeonne dans le réticulum endoplasmique. Le virus migre ensuite à travers le complexe du Golgi et éventuellement sort de la cellule, par exemple par exocytose. Le site de l'attachement du virus à la cellule hôte se trouve au niveau de la protéine S.

Les coronavirus sont responsables de 15 à 30 % des rhumes chez l'Homme et d'infections respiratoires ou digestives chez les animaux, notamment le chat (FIPV : *Feline infectious peritonitis virus*), la volaille (IBV : *Avian Infectious bronchitis virus*), la souris (MHV : *Mouse Hepatitis virus*), le porc (TGEV : *Transmissible gastroenteritis virus*, PEDV : *Porcine Epidemic Diarrhea virus*, PRCoV : *Porcine Respiratory Coronavirus*, HEV : *Hemagglutinating encephalomyelitis Virus*) et les bovins (BcoV : *Bovine coronavirus*).

En général, chaque coronavirus n'affecte qu'une seule espèce ; chez les individus immunocompétents, l'infection induit des anticorps éventuellement neutralisants et une immunité cellulaire, capables de détruire les cellules infectées.

Une épidémie de pneumonie atypique, dénommée syndrome respiratoire aigu sévère (SARS ou *Severe acute respiratory syndrome*, SRAS en français) s'est propagée dans différents pays (Vietnam, Hong-Kong, Singapour, Thaïlande et Canada) au cours du premier trimestre 2003, à partir d'un foyer initial apparu en Chine dans le dernier trimestre de 2002. La sévérité de cette maladie est telle que son taux de mortalité est d'environ 3 à 6 %. La détermination de l'agent causatif de cette maladie a été entreprise par de nombreux laboratoires, à travers le monde.

En mars 2003, un nouveau coronavirus (SARS-CoV, SARS virus ou virus SRAS, en français) a été isolé, en association avec des cas de syndrome respiratoire aigu sévère (T.G.KSIAZEK et al., *The New England Journal of Medicine*, 2003, 348, 1319-1330 ; C. DROSTEN et al., *The New England Journal of Medicine*, 2003, 348, 1967-1976 ; Peiris et al., *Lancet*, 2003, 361, 1319-).

Des séquences génomiques de ce nouveau coronavirus ont ainsi été obtenues, notamment celles de l'isolat Urbani (Genbank n° d'accès AY274119.3 et A. MARRA et al., *Science*, May 1, 2003, 300, 1399-1404) et de l'isolat de Toronto (Tor2, Genbank n° d'accès AY 278741 et A. ROTA et al., *Science*, 2003, 300, 1394-1399).

L'organisation du génome est comparable à celle des autres coronavirus connus permettant ainsi de confirmer l'appartenance du SARS-CoV à la famille des *Coronaviridae* ; les cadres ouverts de lecture ORF1a et 1b et les cadres ouverts de lecture correspondant aux protéines S, E, M, et N, ainsi qu'à des protéines codées par : la région située entre l'ORF-S et l'ORF-E (ORF3), la région située entre l'ORF-S et l'ORF-E et chevauchant l'ORF-E (ORF4), la région située entre l'ORF-M et l'ORF-N (ORF7 à ORF11) et la région correspondant à l'ORF-N (ORF13 et ORF14), ont notamment été identifiées.

Sept différences ont été mises en évidence entre les séquences des isolats Tor2 et Urbani ; 3 correspondent à des mutations silencieuses (c/t en position 16622 et a/g en position 19064 de l'ORF1b, t/c en position 24872 de l'ORF-S) et 4 modifient la séquence en acides aminés de respectivement : les protéines codées par

l'ORF1a (c/t en position 7919 correspondant à la mutation A/V), la protéine S (g/t en position 23220 correspondant à la mutation A/S), la protéine codée par l'ORF3 (a/g en position 25298 correspondant à la mutation R/G) et de la protéine M (t/c en position 26857 correspondant à la mutation S/P).

5 En outre, l'analyse phylogénétique montre que le SARS-CoV est éloigné des autres coronavirus et qu'il est apparu, ni par mutation de coronavirus respiratoires humains, ni par recombinaison entre des coronavirus connus (pour une revue, voir Holmes, J.C.I., 2003, 111, 1605-1609).

10 La mise en évidence et la prise en compte de nouveaux variants sont importantes pour la mise au point de réactifs de détection et de diagnostic du SRAS suffisamment sensibles et spécifiques ainsi qu'à des compositions immunogènes aptes à protéger des populations contre des épidémies de SRAS.

Les Inventeurs ont maintenant mis en évidence une autre souche de coronavirus associé au SRAS, qui se distingue des isolats Tor2 et Urbani.

15 La présente invention a donc pour objet, une souche isolée ou purifiée de coronavirus humain associé au syndrome respiratoire aigu sévère, caractérisée en ce que son génome présente sous la forme d'ADN complémentaire un codon sérine en position 23220-23222 du gène de la protéine S ou un codon glycine en position 25298-25300 du gène de l'ORF3, et un codon alanine en position 7918-7920 de
20 l'ORF1a ou un codon sérine en position 26857-26859 du gène de la protéine M, lesdites positions étant indiquées en référence à la séquence Genbank AY274119.3.

25 Selon un mode de réalisation avantageux de ladite souche, l'équivalent ADN de son génome présente une séquence correspondant à la séquence SEQ ID NO : 1 ; cette souche de coronavirus est issue du prélèvement de lavage bronchoalvéolaire d'un patient atteint de SRAS, répertorié sous le n° 031589 et effectué à l'hôpital français de Hanoi (Vietnam).

30 Conformément à l'invention, ladite séquence SEQ ID NO :1 est celle de l'acide désoxyribonucléique correspondant à la molécule d'acide ribonucléique du génome de la souche isolée de coronavirus telle que définie ci-dessus.

La séquence SEQ ID NO : 1 se distingue de la séquence Genbank AY274119.3 (isolat Tor2) en ce qu'elle possède les mutations suivantes :

- g/t en position 23220 ; le codon alanine (gct) en position 577 de la séquence en acides aminés de la protéine S de Tor2 est remplacé par un codon sérine (tct),

- a/g en position 25298 ; le codon arginine (aga) en position 11 de la séquence en acides aminés de la protéine codée par l'ORF3 de Tor 2 est remplacé par un codon glycine (gga).

En outre, la séquence SEQ ID NO : 1 se distingue de la séquence Genbank AY278741 (isolat Urbani) en ce qu'elle possède les mutations suivantes :

- t/c en position 7919 ; le codon valine (ggt) en position 2552 de la séquence en acides aminés de la protéine codée par l'ORF1a est remplacé par un codon alanine (gct),

- t/c en position 16622 : cette mutation ne modifie pas la séquence en acides aminés des protéines codées par l'ORF1b (mutation silencieuse),

- g/a en position 19064 : cette mutation ne modifie pas la séquence en acides aminés des protéines codées par l'ORF1b (mutation silencieuse),

- c/t en position 24872 : cette mutation ne modifie pas la séquence en acides aminés de la protéine S, et

- c/t en position 26857 : le codon proline (ccc) en position 154 de la séquence en acides aminés de la protéine M est remplacé par un codon sérine (tcc).

En l'absence de mention particulière, les positions des séquences nucléotidiques et peptidiques sont indiquées en référence à la séquence Genbank AY274119.3.

La présente invention a également pour objet un polynucléotide isolé ou purifié, caractérisé en ce que sa séquence est celle du génome de la souche isolée de coronavirus telle que définie ci-dessus.

Selon un mode de réalisation avantageux dudit polynucléotide il présente la séquence SEQ ID NO : 1.

La présente invention a également pour objet un polynucléotide isolé ou purifié, caractérisé en ce que sa séquence hybride dans des conditions de forte stringence avec la séquence du polynucléotide tel que défini ci-dessus.

Les termes « isolé ou purifié » signifient modifié « par la main de l'homme » à partir de l'état naturel ; autrement dit si un objet existe dans la nature, il

est dit isolé ou purifié s'il a été modifié ou extrait de son environnement naturel ou les deux. Par exemple, un polynucléotide ou une protéine/un peptide naturellement présent dans un organisme vivant n'est ni isolé, ni purifié ; en revanche le même polynucléotide ou protéine /peptide séparé des molécules coexistantes dans son environnement naturel, obtenu par clonage, amplification et/ou synthèse chimique est isolé au sens de la présente invention. De plus, un polynucléotide ou une protéine/peptide qui est introduit dans un organisme par transformation, manipulation génétique ou par toute autre méthode, est « isolé » même s'il est présent dans ledit organisme. Le terme purifié tel qu'utilisé dans la présente invention, signifie que les protéines /peptides selon l'invention sont essentiellement libres d'association avec les autres protéines ou polypeptides, comme l'est par exemple le produit purifié de la culture de cellules hôtes recombinantes ou le produit purifié à partir d'une source non-recombinante.

Au sens de la présente invention, on entend par conditions d'hybridation de forte stringence, des conditions de température et de force ionique choisies de telle manière qu'elles permettent le maintien de l'hybridation spécifique et sélective entre polynucléotides complémentaires.

A titre d'illustration, des conditions de forte stringence aux fins de définir les polynucléotides ci-dessus, sont avantageusement les suivantes : l'hybridation ADN-ADN ou ADN-ARN est réalisée en deux étapes : (1) préhybridation à 42°C pendant 3 heures en tampon phosphate (20 mM pH 7,5) contenant 5 x SSC (1 x SSC correspond à une solution 0,15 M NaCl + 0,015 M citrate de sodium), 50 % de formamide, 7 % de sodium dodécyl sulfate (SDS), 10 x Denhardt's, 5 % de dextran sulfate et 1 % d'ADN de sperme de saumon ; (2) hybridation pendant 20 heures à 42°C suivie de 2 lavages de 20 minutes à 20°C en 2 x SSC + 2 % SDS, 1 lavage de 20 minutes à 20°C en 0,1 x SSC + 0,1 % SDS. Le dernier lavage est pratiqué en 0,1 x SSC + 0,1 % SDS pendant 30 minutes à 60°C.

La présente invention a également pour objet un fragment représentatif du polynucléotide tel que défini ci-dessus, caractérisé en ce qu'il est susceptible d'être obtenu, soit par l'utilisation d'enzymes de restriction dont les sites de reconnaissance et de coupure sont présents dans ledit polynucléotide tel que défini ci-dessus, soit par amplification à l'aide d'amorces oligonucléotidiques spécifiques dudit polynucléotide tel que défini ci-dessus, soit par transcription *in vitro*, soit par synthèse

chimique.

Selon un mode de réalisation avantageux dudit fragment, il est sélectionné dans le groupe constitué par : l'ADNc correspondant à au moins un cadre ouvert de lecture (ORF) choisi parmi : ORF1a, ORF1b, ORF-S, ORF-E, ORF-M, ORF-N, ORF3, ORF4, ORF7 à ORF11, ORF13 et ORF14, et l'ADNc correspondant aux extrémités 5' ou 3' non-codantes dudit polynucléotide.

Selon une disposition avantageuse de ce mode de réalisation, ledit fragment présente une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par :

- les séquences SEQ ID NO : 2 et 4 représentant l'ADNc correspondant à l'ORF-S qui code pour la protéine S,
- les séquences SEQ ID NO : 13 et 15 représentant l'ADNc correspondant à l'ORF-E qui code pour la protéine E,
- les séquences séquence SEQ ID NO : 16 et 18 représentant l'ADNc correspondant à l'ORF-M qui code pour la protéine M,
- les séquences SEQ ID NO : 36 et 38 représentant l'ADNc correspondant à l'ORF-N qui code pour la protéine N,
- les séquences représentant les ADNc correspondant respectivement : aux ORF1a et ORF1b (ORF1ab, SEQ ID NO : 31), aux ORF3 et ORF4 (SEQ ID NO : 7, 8), aux ORF 7 à 11 (SEQ ID NO : 19, 20), à l'ORF13 (SEQ ID NO : 32) et à l'ORF14 (SEQ ID NO : 34), et
- les séquences représentant les ADNc correspondant respectivement aux extrémités 5'(SEQ ID NO : 39 et 72) et 3' non-codantes (SEQ ID NO : 40, 73) dudit polynucléotide.

La présente invention a également pour objet un fragment de l'ADNc codant pour la protéine S, tel que défini ci-dessus, caractérisé en ce qu'il présente une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 5 et 6 (fragments Sa et Sb).

La présente invention a également pour objet un fragment de l'ADNc correspondant aux ORF1a et ORF1b tel que défini ci-dessus, caractérisé en ce qu'il présente une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 41 à 54 (fragments L0 à L12).

La présente invention a également pour objet un fragment du polynuéotide tel que défini ci dessus, caractérisé en ce qu'il présente au moins 15 bases ou paires de bases consécutives de la séquence du génome de ladite souche incluant au moins une de celles situées en position 7979, 16622, 19064, 23220, 24872, 25298 et 26857. De préférence, il s'agit d'un fragment de 20 à 2500 bases ou paires de bases, de manière préférée de 20 à 400.

Selon un mode de réalisation avantageux dudit fragment, il inclut au moins un couple de bases ou de paires de bases correspondant aux positions suivantes : 7919 et 23220, 7919 et 25298, 16622 et 23220, 19064 et 23220, 16622 et 25298, 19064 et 25298, 23220 et 24872, 23220 et 26857, 24872 et 25298, 25298 et 26857.

La présente invention a également pour objet des amorces d'au moins 18 bases aptes à amplifier un fragment du génome d'un coronavirus associé au SRAS ou de l'équivalent ADN de celui-ci.

Selon un mode de réalisation desdites amorces, elles sont sélectionnées dans le groupe constitué par :

- la paire d'amorces n° 1 correspondant respectivement aux positions 28507 à 28522 (amorce sens, SEQ ID NO : 60) et 28774 à 28759 (amorce anti-sens, SEQ ID NO : 61) de la séquence du polynuéotide tel que défini ci-dessus, et

- la paire d'amorces n° 2 correspondant respectivement aux positions 28375 à 28390 (amorce sens, SEQ ID NO : 62) et 28702 à 28687 (amorce anti-sens, SEQ ID NO : 63) de la séquence du polynuéotide tel que défini ci-dessus.

La présente invention a également pour objet une sonde apte à détecter la présence du génome d'un coronavirus associé au SRAS ou d'un fragment de celui-ci, caractérisée en ce qu'elle est sélectionnée dans le groupe constitué par : les fragments tels que définis ci-dessus et les fragments correspondant aux positions suivantes de la séquence du polynuéotide tel que défini ci-dessus : 28561 à 28586, 28588 à 28608, 28541 à 28563 et 28565 à 28589 (SEQ ID NO : 64 à 67).

Les sondes et amorces selon l'invention peuvent être marquées directement ou indirectement par un composé radioactif ou non radioactif par des méthodes bien connues de l'Homme du Métier, afin d'obtenir un signal détectable et/ou quantifiable. Parmi les isotopes radioactifs utilisés, on peut citer le ^{32}P , le ^{33}P , le

^{35}S , le ^3H ou ^{125}I . Les entités non radioactives sont sélectionnées parmi les ligands tels que la biotine, l'avidine, la streptavidine, la digoxygénine, les haptènes, les colorants, les agents luminescents tels que les agents radioluminescents, chémoluminescents, bioluminescents, fluorescents, phosphorescents.

5 L'invention englobe les sondes et les amorces marquées dérivées des séquences précédentes.

De telles sondes et amorces sont utiles pour le diagnostic de l'infection par un coronavirus associé au SRAS.

La présente invention a également pour objet une méthode de détection d'un coronavirus associé au SRAS, à partir d'un échantillon biologique, laquelle

10 méthode est caractérisée en ce qu'elle comprend au moins :

(a) l'extraction d'acides nucléiques présents dans ledit échantillon biologique,

(b) l'amplification d'un fragment de l'ORF-N par RT-PCR à l'aide

15 d'une paire d'amorces telle que définie ci-dessus, et

(c) la détection par tout moyen approprié des produits d'amplifications obtenus en (b).

Les produits d'amplifications (amplicons) en (b) sont de 268 pb pour la paire d'amorces n° 1 et de 328 pb pour la paire d'amorces n°2.

20 Selon un mode de mise en œuvre avantageux dudit procédé, l'étape (b) de détection est réalisée à l'aide d'au moins une sonde correspondant aux positions 28561 à 28586, 28588 à 28608, 28541 à 28563 et 28565 à 28589 de la séquence du polynucléotide tel que défini ci-dessus.

De préférence, le génome du coronavirus associé au SRAS est

25 détecté et éventuellement quantifié par PCR en temps réel, à l'aide de la paire d'amorces n°2 et des sondes correspondant aux positions 28541 à 28563 et 28565 à 28589 marquées avec des composés différents, notamment des agents fluorescents différents.

La RT-PCR en temps réel qui met en œuvre cette paire d'amorces et

30 cette sonde est très sensible puisqu'elle permet de détecter 10^2 copies d'ARN et jusqu'à 10 copies d'ARN, elle est en outre fiable et reproductible.

L'invention englobe les polydésoxyribonucléotides et les polyribonucléotides simple-brin, double-brin et tripe-brin correspondant à la séquence du génome de la souche isolée de coronavirus et de ses fragments tels que définis ci-dessus, ainsi qu'à leurs séquences complémentaires, sens ou anti-sens, notamment les
 5 ARN et les ADNc correspondant à la séquence du génome et de ses fragments tels que définis ci-dessus.

La présente invention englobe également les fragments d'amplification obtenus à l'aide d'amorces spécifiques du génome de la souche purifiée ou isolée tel que défini ci-dessus, notamment à l'aide d'amorces et de paires
 10 d'amorces telles que définies ci-dessus, les fragments de restriction constitués par ou comprenant la séquence des fragments tels que définis ci-dessus, les fragments obtenus par transcription *in vitro* à partir d'un vecteur contenant la séquence SEQ ID NO : 1 ou un fragment tel que défini ci-dessus, ainsi que des fragments obtenus par synthèse chimique. Des exemples de fragments de restriction sont déduits de la carte
 15 de restriction de la séquence SEQ ID NO : 1 illustrée par la figure 13. Conformément à l'invention lesdits fragments sont, soit sous forme de fragments isolés, soit sous forme de mélanges de fragments. L'invention englobe également les fragments modifiés, par rapport aux précédents, par enlèvement, ou addition de nucléotides dans une proportion d'environ 15 %, par rapport à la longueur des fragments ci-dessus et/ou
 20 modifiés au niveau de la nature des nucléotides, dès lors que les fragments nucléotidiques modifiés conservent une capacité d'hybridation avec les séquences d'ARN génomiques ou antigénomiques de l'isolat tel que défini ci-dessus.

Les molécules d'acide nucléique selon l'invention sont obtenues par les méthodes classiques, connues en elles-mêmes, en suivant les protocoles standards
 25 tels que ceux décrits dans *Current Protocols in Molecular Biology* (Frederick M. AUSUBEL, 2000, Wiley and son Inc, Library of Congress, USA). Par exemple, elles peuvent être obtenues par amplification d'une séquence nucléique par PCR ou RT-PCR ou bien par synthèse chimique totale ou partielle.

La présente invention a également pour objet une puce ou filtre à
 30 ADN ou à ARN, caractérisé en ce qu'il comprend au moins un polynucléotide ou l'un de ses fragments tels que définis ci-dessus.

Les puces ou filtres à ADN ou à ARN selon l'invention sont

préparés par les méthodes classiques, connues en elles-mêmes, comme par exemple greffage chimique ou électrochimique d'oligonucléotides sur support de verre ou de nylon.

La présente invention a également pour objet un vecteur de clonage
5 et/ou d'expression recombinant, notamment un plasmide ou un phage comprenant un fragment d'acide nucléique tel que défini ci-dessus. De préférence, ledit vecteur recombinant est un vecteur d'expression dans lequel ledit fragment d'acide nucléique est placé sous le contrôle d'éléments régulateurs de la transcription et de la traduction appropriés. En outre, ledit vecteur peut comprendre des séquences (étiquettes ou *tag*)
10 fusionnées en phase avec l'extrémité 5' et/ou 3' dudit insert, utiles pour l'immobilisation, et/ou la détection et/ou la purification de la protéine exprimée à partir dudit vecteur.

Ces vecteurs sont construits et introduits dans des cellules hôtes par les méthodes classiques d'ADN recombinant et de génie génétique, qui sont connues
15 en elles-mêmes. De nombreux vecteurs dans lesquels on peut insérer une molécule d'acide nucléique d'intérêt afin de l'introduire et de la maintenir dans une cellule hôte, sont connus en eux-mêmes ; le choix d'un vecteur approprié dépend de l'utilisation envisagée pour ce vecteur (par exemple répllication de la séquence d'intérêt, expres-
sion de cette séquence, maintien de la séquence sous forme extrachromosomique ou
20 bien intégration dans le matériel chromosomique de l'hôte), ainsi que de la nature de la cellule hôte.

Conformément à l'invention, ledit plasmide est notamment sélectionné parmi les plasmides suivants :

- le plasmide, dénommé SARS-S, compris dans la souche bactérienne déposée sous le n° I-3059, le 20 juin 2003, auprès de la Collection Nationale de
25 Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient la séquence d'ADNc codant pour la protéine S de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 21406 à 25348 (SEQ ID NO : 4), en référence à la
30 séquence Genbank AY274119.3,

- le plasmide, dénommé SARS-S1, compris dans la souche bactérienne déposée sous le n° I-3020, le 12 mai 2003, auprès de la Collection Nationale de

Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient un fragment 5' de la séquence d'ADNc codant pour la protéine S de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, lequel fragment correspondant aux nucléotides des positions 21406 à 23454 (SEQ ID NO :5), en référence à la séquence Genbank AY274119.3 Tor2,

- le plasmide, dénommé SARS-S2, compris dans la souche bactérienne déposée sous le n° I-3019, le 12 mai 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient un fragment 3' de la séquence d'ADNc codant pour la protéine S de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, lequel fragment correspondant aux nucléotides des positions 23322 à 25348 (SEQ ID NO :6), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3,

- le plasmide, dénommé SARS-SE, compris dans la souche bactérienne déposée sous le n° I-3126, le 13 novembre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15; il contient l'ADNc correspondant à la région située entre l'ORF-S et l'ORF-E et chevauchant l'ORF-E de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, laquelle région correspondant aux nucléotides des positions 25110 à 26244 (SEQ ID NO :8), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3,

- le plasmide, dénommé SARS-E, compris dans la souche bactérienne déposée sous le n° I-3046, le 28 mai 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient la séquence d'ADNc codant pour la protéine E de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 26082 à 26413 (SEQ ID NO :15), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3,

- le plasmide, dénommé SARS-M ; compris dans la souche bactérienne déposée sous le n° I-3047, le 28 mai 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient la séquence d'ADNc codant pour la protéine M de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus ;

laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 26330 à 27098 (SEQ ID NO :18), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3,

- le plasmide dénommé SARS-MN, compris dans la souche bactérienne déposée sous le n° I-3125, le 13 novembre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient la séquence d'ADNc correspondant à la région située entre l'ORF-M et l'ORF-N de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589 et prélevée à Hanoi, telle que définie ci-dessus, laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 26977 à 28218 (SEQ ID NO :20), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3,

- le plasmide dénommé SARS-N, compris dans la souche bactérienne déposée sous le n° I-3048, le 5 juin 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient l'ADNc codant pour la protéine N de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 28054 à 29430 (SEQ ID NO :38), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3,

- le plasmide dénommé SARS-5'NC, compris dans la souche bactérienne déposée sous le n° I- 3124, le 7 novembre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient l'ADNc correspondant à l'extrémité 5' non codante du génome de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 1 à 204 (SEQ ID NO :39), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3,

- le plasmide dénommé SARS-3'NC, compris dans la souche bactérienne déposée sous le n° I-3123 le 7 novembre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15. ; il contient la séquence d'ADNc correspondant à l'extrémité 3' non codante du génome de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, laquelle séquence correspondant à celle située entre le nucléotide en position 28933 à 29727 (SEQ ID NO :40), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3, se termine par une série de nucléotides a.,

- le plasmide d'expression dénommé pIV2.3N, contenant un fragment d'ADNc codant pour une fusion C-terminale de la protéine N (SEQ ID NO : 37) avec une étiquette polyhistidine,

5 - le plasmide d'expression dénommé pIV2.3S_C, contenant un fragment d'ADNc codant pour une fusion C-terminale du fragment correspondant aux positions 475 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S (SEQ ID NO : 3) avec une étiquette polyhistidine,

10 - le plasmide d'expression pIV2.3S_L, contenant un fragment d'ADNc codant pour une fusion C-terminale du fragment correspondant aux positions 14 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S (SEQ ID NO : 3) avec une étiquette polyhistidine,

- le plasmide d'expression dénommé pIV2.4N, contenant un fragment d'ADNc codant pour une fusion N-terminale de la protéine N (SEQ ID NO : 3) avec une étiquette polyhistidine,

15 - le plasmide d'expression dénommé pIV2.4S_C ou pIV2.4S_I, contenant un insert codant pour une fusion N-terminale du fragment correspondant aux positions 475 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S (SEQ ID NO : 3) avec une étiquette polyhistidine, et

20 - le plasmide d'expression dénommé pIV2.4S_L contenant un fragment d'ADNc codant pour une fusion N-terminale du fragment correspondant aux positions 14 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S (SEQ ID NO : 3) avec une étiquette polyhistidine.

25 Selon une disposition avantageuse du plasmide d'expression tel que défini ci-dessus, il est compris dans une souche bactérienne qui a été déposée sous le n° I- 3117, le 23 octobre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15.

30 Selon une autre disposition avantageuse du plasmide d'expression tel que défini ci-dessus, il est compris dans une souche bactérienne qui a été déposée sous le n° I- 3118, le 23 octobre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15.

La présente invention a également pour objet une banque d'ADNc caractérisée en ce qu'elle comprend des fragments tels que définis ci-dessus, en parti-

culier des fragments d'amplification ou des fragments de restriction, clonés dans un vecteur recombinant, notamment un vecteur d'expression (banque d'expression).

La présente invention a également pour objet des cellules, notamment des cellules procaryotes, modifiées par un vecteur recombinant tel que défini ci-dessus.

Les vecteurs recombinants tels que définis ci-dessus et les cellules transformées par lesdits vecteurs d'expression sont avantageusement utilisés pour la production des protéines et des peptides correspondants. Les banques d'expression dérivées desdits vecteurs, ainsi que les cellules transformées par lesdites banques d'expression sont avantageusement utilisées pour identifier les épitopes immunogènes (épitopes B et T) des protéines du coronavirus associé au SRAS.

La présente invention a également pour objet les protéines et les peptides purifiées ou isolées, caractérisés en ce qu'ils sont codés par le polynucléotide ou l'un de ses fragments tels que définis ci-dessus.

Selon un mode de réalisation avantageux de l'invention, ladite protéine est sélectionnée dans le groupe constitué par :

- la protéine S de séquence SEQ ID NO :3
- la protéine E de séquence SEQ ID NO :14
- la protéine M de séquence SEQ ID NO :17
- la protéine N de séquence SEQ ID NO : 37
- les protéines codées par les ORFs : ORF1a, ORF1b, ORF3, ORF4 et ORF7 à ORF11, ORF13 et ORF14 de séquence respectivement, SEQ ID NO :74, 75, 10, 12, 22, 24, 26, 28, 30, 33 et 35.

Selon un mode de réalisation avantageux de l'invention, ledit peptide est sélectionné dans le groupe constitué par :

- a) les peptides correspondant aux positions 14 à 1193 et 475 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S,
- b) les peptides correspondant aux positions 2 à 14 (SEQ ID NO : 69) et 100 à 221 de la séquence en acides aminés de la protéine M ; ces peptides correspondent respectivement à l'ectodomaine et à l'endodomaine de la protéine M, et
- c) les peptides correspondant aux positions 1 à 12 (SEQ ID NO : 70) et 53 à 76 (SEQ ID NO : 71) de la séquence en acides aminés de la protéine E ; ces

peptides correspondent respectivement à l'ectodomaine et à l'extrémité C-terminale de la protéine E, et

- d) les peptides de 5 à 50 acides aminés consécutifs, de préférence de 10 à 30 acides aminés, inclus ou chevauchant partiellement ou totalement la séquence des peptides tels que définis en a), b) ou c).

La présente invention a également pour objet un peptide caractérisé en ce qu'il présente une séquence de 7 à 50 acides aminés incluant un résidu d'acide aminé sélectionné dans le groupe constitué par :

- l'alanine située en position 2552 de la séquence en acides aminés de la protéine codée par l'ORF1a.
- la sérine située en position 577 de la séquence en acides aminés de la protéine S de la souche de SARS-CoV telle que définie ci-dessus,
- la glycine en position 11 de la séquence en acides aminés de la protéine codée par l'ORF3 de la souche de SARS-CoV telle que définie ci-dessus,
- la sérine en position 154 de la séquence en acides aminés de la protéine M de la souche de SARS-CoV telle que définie ci-dessus.

La présente invention a également pour objet un anticorps ou un fragment d'anticorps polyclonal ou monoclonal, susceptible d'être obtenu par immunisation d'un animal avec un vecteur recombinant tel que défini ci-dessus, une banque d'ADNc telle que définie ci-dessus ou bien une protéine ou un peptide tels que définis ci-dessus, caractérisé en ce qu'il se lie avec l'une au moins des protéines codées par le SARS-CoV telles que définies ci-dessus.

L'invention englobe les anticorps polyclonaux, les anticorps monoclonaux, les anticorps chimériques tels que les anticorps humanisés, ainsi que leurs fragments (Fab, Fv, scFv).

Au sens de la présente invention, on entend par anticorps chimérique, relativement à un anticorps d'une espèce animale particulière ou d'une classe particulière d'anticorps, un anticorps comprenant tout ou partie d'une chaîne lourde et/ou d'une chaîne légère d'un anticorps d'une autre espèce animale ou d'une autre classe d'anticorps.

Au sens de la présente invention, on entend par anticorps humanisé une immunoglobuline humaine dans laquelle les résidus des CDRs

(*Complementary-Determining Regions*) qui forment le site de liaison à l'antigène sont remplacés par ceux d'un anticorps monoclonal non-humain possédant la spécificité, l'affinité ou l'activité recherchées. Par comparaison avec les anticorps non-humains, les anticorps humanisés sont moins immunogènes et possèdent une demi-vie prolongée chez l'Homme car ils ne possèdent qu'une faible proportion de séquences non-humaines étant donné que la quasi-totalité des résidus des régions FR (Framework) et de la région constante (Fc) de ces anticorps sont ceux d'une séquence consensus d'immunoglobulines humaines.

La présente invention a également pour objet une puce à protéine, caractérisée en ce qu'elle comprend une protéine, un peptide ou bien un anticorps tels que définis ci-dessus.

Les puces à protéine selon l'invention sont préparées par les méthodes classiques, connues en elles-mêmes. Parmi les supports appropriés sur lesquels peuvent être immobilisés des protéines, on peut citer ceux en matière plastique ou en verre, notamment sous la forme de microplaques.

La présente invention a également pour objet des réactifs dérivés de la souche isolée de coronavirus associé au SRAS, issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, utiles pour l'étude et le diagnostic de l'infection provoquée par un coronavirus associé au SRAS, lesquels réactifs sont sélectionnés dans le groupe constitué par :

(a) une paire d'amorces, une sonde ou une puce à ADN telles que définies ci-dessus,

(b) un vecteur recombinant ou une cellule modifiée tels que définis ci-dessus,

(c) une souche isolée de coronavirus ou un polynucléotide tels que définis ci-dessus,

(d) une protéine ou un peptide tel que défini ci-dessus,

(e) un anticorps ou fragment d'anticorps tels que définis ci-dessus, et

(f) une puce à protéine telle que définie ci-dessus.

Ces différents réactifs sont préparés et utilisés selon les techniques classiques de biologie moléculaire et d'immunologie, en suivant les protocoles standards tels que ceux décrits dans *Current Protocols in Molecular Biology*

(Frederick M. AUSUBEL, 2000, Wiley and Son Inc., Library of Congress, USA), dans *Current Protocols in Immunology* (John E. Cologan, 2000, Wiley and Son Inc. Library of Congress, USA) et dans *Antibodies : A Laboratory Manual* (E. Howell and D Lane, Cold Spring Harbor Laboratory, 1988).

5 Les fragments d'acide nucléique selon l'invention sont préparés et utilisés selon les techniques classiques telles que définies ci-dessus. Les peptides et les protéines selon l'invention sont préparés par les techniques d'ADN recombinant, connues de l'Homme du métier, notamment à l'aide des vecteurs recombinants tels que définis ci-dessus. Alternativement, les peptides selon l'invention peuvent être
10 préparés par les techniques classiques de synthèse en phase solide ou liquide, connues de l'Homme du métier.

Les anticorps polyclonaux sont préparés par immunisation d'un animal approprié avec une protéine ou un peptide tels que définis ci-dessus, éventuellement couplé à la KLH ou à l'albumine et/ou associé à un adjuvant approprié tel que
15 l'adjuvant de Freund (complet ou incomplet) ou l'hydroxyde d'alumine ; après obtention d'un titre en anticorps satisfaisant, les anticorps sont récoltés par prélèvement du sérum des animaux immunisés et enrichis en IgG par précipitation, selon les techniques classiques, puis les IgG spécifiques des protéines du SARS-CoV sont éventuellement purifiées par chromatographie d'affinité sur une colonne appropriée
20 sur laquelle sont fixés ledit peptide ou ladite protéine, tels que définis ci-dessus, de façon à obtenir une préparation d'IgG monospécifiques.

Les anticorps monoclonaux sont produits à partir d'hybridomes obtenus par fusion de lymphocytes B d'un animal immunisé par une protéine ou un peptide tels que définis ci-dessus avec des myélomes, selon la technique de Köhler et
25 Milstein (Nature, 1975, 256, 495-497) ; les hybridomes sont cultivés *in vitro*, notamment dans des fermenteurs ou produits *in vivo*, sous forme d'ascite ; alternativement lesdits anticorps monoclonaux sont produits par génie génétique comme décrit dans le brevet américain US 4,816,567.

Les anticorps humanisés sont produits par des méthodes générales
30 comme celles décrites dans la Demande Internationale WO 98/45332.

Les fragments d'anticorps sont produits à partir des régions V_H et V_L clonées, à partir des ARNm d'hybridomes ou de lymphocytes spléniques d'une

souris immunisée ; par exemple, les fragments Fv, scFv ou Fab sont exprimés à la surface de phages filamenteux selon la technique de Winter et Milstein (Nature, 1991, 349, 293-299) ; après plusieurs étapes de sélection, les fragments d'anticorps spécifiques de l'antigène sont isolés et exprimés dans un système d'expression approprié, par les techniques classiques de clonage et d'expression d'ADN recombinant.

Les anticorps ou leur fragments tels que définis ci-dessus, sont purifiés par les techniques classiques connues de l'Homme du métier, telles que la chromatographie d'affinité.

La présente invention a en outre pour objet l'utilisation d'un produit sélectionné dans le groupe constitué par : une paire d'amorces, une sonde, une puce à ADN, un vecteur recombinant, une cellule modifiée, une souche isolée de coronavirus, un polynucléotide, une protéine ou un peptide, un anticorps ou un fragment d'anticorps, et une puce à protéine tels que définis ci-dessus, pour la préparation d'un réactif de détection et éventuellement de génotypage/sérotypage, d'un coronavirus associé au SRAS.

Les protéines et les peptides selon l'invention, qui sont aptes à être reconnus et/ou à induire la production d'anticorps spécifiques du coronavirus associé au SRAS, sont utiles pour le diagnostic de l'infection par un tel coronavirus ; l'infection est détectée, par une technique appropriée- notamment EIA, ELISA, RIA, immunofluorescence-, à partir d'un échantillon biologique prélevé chez un individu susceptible d'être infecté.

Selon une disposition avantageuse de ladite utilisation, lesdites protéines sont sélectionnées dans le groupe constitué par les protéines S, E, M et/ou N et les peptides tels que définis ci-dessus.

Les protéines S, E, M et/ou N et les peptides dérivés de ces protéines tels que définis ci-dessus, par exemple la protéine N, sont utilisées pour le diagnostic indirect d'une infection à coronavirus associé au SRAS (diagnostic sérologique ; détection d'anticorps spécifiques du SARS-CoV), notamment par une méthode immunoenzymatique (ELISA).

Les anticorps et les fragments d'anticorps selon l'invention, notamment ceux dirigés contre les protéines S, E, M et/ou N et les peptides dérivés tels que définis ci-dessus, sont utiles pour le diagnostic direct d'une infection à coro-

navirus associé au SRAS ; la détection de protéine(s) du SARS-CoV est réalisée par une technique appropriée, notamment EIA, ELISA, RIA, immunofluorescence à partir d'un échantillon biologique prélevé chez un individu susceptible d'être infecté.

La présente invention a également pour objet une méthode de détection d'un coronavirus associé au SRAS, à partir d'un échantillon biologique, laquelle méthode est caractérisée en ce qu'elle comprend au moins :

- (a) la mise en contact dudit échantillon biologique avec au moins un anticorps ou un fragment d'anticorps, une protéine, un peptide ou bien une puce ou un filtre à protéine ou à peptide tels que définis ci-dessus, et
- (b) la révélation par tout moyen approprié des complexes antigène-anticorps formés en (a), par exemple par EIA, ELISA, RIA, ou par immunofluorescence.

Selon un mode de mise en œuvre avantageux dudit procédé l'étape (a) comprend :

- (a₁) la mise en contact dudit échantillon biologique avec au moins un premier anticorps ou un fragment d'anticorps qui est fixé sur un support approprié, notamment une microplaque,
- (a₂) le lavage de la phase solide, et
- (a₃) l'addition d'au moins un second anticorps ou un fragment d'anticorps, différent du premier, ledit anticorps ou fragment d'anticorps étant éventuellement marqué de façon appropriée.

Ce procédé qui permet de capturer les particules virales présentes dans l'échantillon biologique est également dénommé procédé d'immunocapture.

Par exemple :

- l'étape (a₁) est réalisée avec au moins un premier anticorps monoclonal ou polyclonal ou un fragment de ceux-ci, dirigé contre la protéine S, M, et/ou E, et/ou un peptide correspondant à l'ectodomaine de l'une de ces protéines (peptides M2-14 ou E1-12)
- l'étape (a₃) est réalisée avec au moins un anticorps ou un fragment d'anticorps dirigé contre un autre épitope de la même protéine ou de préférence contre une autre protéine, de manière préférée contre une protéine interne telle que la nucléoprotéine N ou l'endodomaine de la protéine E ou M, de manière encore plus préférée

il s'agit d'anticorps ou de fragments d'anticorps dirigés contre la protéine N qui est très abondante dans la particule virale ; lorsqu'un anticorps ou un fragment d'anticorps dirigé contre une protéine interne (N) ou contre l'endodomaine des protéines E ou M est utilisé, le dit anticorps est incubé en présence de détergent, 5 comme le Tween 20 par exemple, à des concentrations de l'ordre de 0,1 %.

- l'étape (b) de révélation des complexes antigène-anticorps formés est réalisée, soit directement à l'aide d'un second anticorps marqué par exemple avec de la biotine ou une enzyme appropriée telle que la peroxydase ou la phosphatase alcaline, soit indirectement à l'aide d'un sérum anti-immunoglobulines marqué 10 comme ci-dessus. Les complexes ainsi formés sont révélés à l'aide d'un substrat approprié.

La présente invention a en outre pour objet un kit de détection d'un coronavirus associé au SRAS, caractérisé en ce qu'il comprend au moins un réactif sélectionné dans le groupe constitué par : une paire d'amorces, une sonde, une puce à 15 ADN ou à ARN, un vecteur recombinant, une cellule modifiée, une souche isolée de coronavirus, un polynucléotide, une protéine ou un peptide, un anticorps, et une puce à protéine tels que définis ci-dessus.

La présente invention a en outre pour objet, une composition immunogène, caractérisée en ce qu'elle comprend au moins un produit sélectionné 20 dans le groupe constitué par :

- a) une protéine ou un peptide tels que définis ci-dessus,
- b) un polynucléotide de type ADN ou ARN ou l'un de ses fragments représentatifs tels que définis ci-dessus, de séquence choisie parmi :

(i) la séquence SEQ ID NO : 1 ou son équivalent ARN
25 (ii) la séquence hybridant dans des conditions de forte stringence avec la séquence SEQ ID NO : 1,

(iii) la séquence complémentaire de la séquence SEQ ID NO : 1 ou de la séquence hybridant dans des conditions de forte stringence avec la séquence SEQ ID NO : 1,

30 (iv) la séquence nucléotidique d'un fragment représentatif du polynucléotide tel que défini en (i), (ii) ou (iii),

(v) la séquence telle que définie en (i), (ii), (iii) ou (iv), modifiée, et

c) un vecteur d'expression recombinant comprenant un polynucléotide tel que défini en b), et

d) une banque d'ADNc telle que définie ci-dessus,

ladite composition immunogène étant capable d'induire une immunité humorale ou cellulaire protectrice spécifique du coronavirus associé au SRAS, notamment la production d'un anticorps dirigé contre un épitope spécifique du coronavirus associé au SRAS.

Les protéines et les peptides tels que définis ci-dessus, notamment les protéines S, M, E et/ou N et les peptides dérivés, ainsi que les molécules d'acide nucléique (ADN ou ARN) codant lesdites protéines ou lesdits peptides, sont de bons candidats vaccin et peuvent être utilisées dans des compositions immunogènes pour la production d'un vaccin contre le coronavirus associé au SRAS.

Selon un mode de réalisation avantageux des compositions selon l'invention, elles contiennent en outre, au moins un véhicule pharmaceutiquement acceptable et éventuellement des substances porteuses et/ou des adjuvants.

Les véhicules pharmaceutiquement acceptables, les substances porteuses et les adjuvants sont ceux classiquement utilisés.

Les adjuvants sont avantageusement choisis dans le groupe constitué par des émulsions huileuses, de la saponine, des substances minérales, des extraits bactériens, de l'hydroxyde d'alumine et le squalène.

Les substances porteuses sont avantageusement sélectionnées dans le groupe constitué par des liposomes unilamellaires, des liposomes multilamellaires, des micelles de saponine ou des microsphères solides de nature saccharidique ou aurifère.

Les compositions selon l'invention, sont administrées par voie générale, notamment intramusculaire ou sous-cutanée ou bien par voie locale notamment nasale (aérosol).

La présente invention a également pour objet l'utilisation d'une protéine ou d'un peptide isolé ou purifié présentant une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 3, 10, 12, 14, 17, 22, 24, 26, 28, 30, 33, 35, 37, 69, 70, 71, 74 et 75 pour former un complexe immun avec un anticorps dirigé spécifiquement contre un épitope du coronavirus associé au SRAS.

La présente invention a également pour objet un complexe immunitaire formé d'une protéine ou d'un peptide isolé ou purifié présentant une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 3, 10, 12, 14, 17, 22, 24, 26, 28, 30, 33, 35, 37, 69, 70, 71, 74 et 75, et d'un anticorps dirigé spécifiquement contre un épitope du coronavirus associé au SRAS.

La présente invention a également pour objet l'utilisation d'une protéine ou d'un peptide isolé ou purifié présentant une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 3, 10, 12, 14, 17, 22, 24, 26, 28, 30, 33, 35, 37, 69, 70, 71, 74 et 75 pour induire la production d'un anticorps capable de reconnaître spécifiquement un épitope du coronavirus associé au SRAS.

La présente invention a également pour objet l'utilisation d'un polynuéclotide isolé ou purifié présentant une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 1, 2, 4, 7, 8, 13, 15, 16, 18, 19, 20, 31, 36 et 38 pour induire la production d'un anticorps dirigé contre la protéine codée par ledit polynuéclotide et capable de reconnaître spécifiquement un épitope du coronavirus associé au SRAS

Outre les dispositions qui précèdent, l'invention comprend encore d'autres dispositions, qui ressortiront de la description qui va suivre, qui se réfère à des exemples de mise en œuvre du polynuéclotide représentant le génome de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le numéro 031589, et des fragments d'ADNc dérivés objets de la présente invention, ainsi qu'au Tableau I présentant la liste des séquences :

Tableau I : Liste des séquences

numéro d'identification	Séquence	Position de l'ADNc en référence à Genbank AY274119.3	Numéro de dépôt à la CNCM du plasmide correspondant
SEQ ID NO : 1	génome de la souche issue du prélèvement 031589	-	-
SEQ ID NO : 2	ORF-S*	21406-25348	-
SEQ ID NO : 3	Protéine S	-	-
SEQ ID NO : 4	ORF-S**	21406-25348	I-3059
SEQ ID NO : 5	fragment Sa	21406-23454	I-3020

SEQ ID NO : 6	fragment Sb	23322-25348	I-3019
SEQ ID NO : 7	ORF-3+ORF-4*	25110-26244	-
SEQ ID NO : 8	ORF-3+ORF-4**	25110-26244	I-3126
SEQ ID NO : 9	ORF3	-	-
SEQ ID NO : 10	Protéine ORF-3	-	-
SEQ ID NO : 11	ORF4	-	-
SEQ ID NO : 12	Protéine ORF-4	-	-
SEQ ID NO : 13	ORF-E*	26082-26413	-
SEQ ID NO : 14	Protéine E	-	-
SEQ ID NO : 15	ORF-E**	26082-26413	I-3046
SEQ ID NO : 16	ORF-M*	26330-27098	-
SEQ ID NO : 17	Protéine M	-	-
SEQ ID NO : 18	ORF-M**	26330-27098	I-3047
SEQ ID NO : 19	ORF7 à 11*	26977-28218	-
SEQ ID NO : 20	ORF7 à 11**	26977-28218	I-3125
SEQ ID NO : 21	ORF7	-	-
SEQ ID NO : 22	Protéine ORF7	-	-
SEQ ID NO : 23	ORF8	-	-
SEQ ID NO : 24	Protéine ORF8	-	-
SEQ ID NO : 25	ORF9	-	-
SEQ ID NO : 26	Protéine ORF9	-	-
SEQ ID NO : 27	ORF10	-	-
SEQ ID NO : 28	Protéine ORF10	-	-
SEQ ID NO : 29	ORF11	-	-
SEQ ID NO : 30	Protéine ORF11	-	-
SEQ ID NO : 31	OrF1ab	265-21485	-
SEQ ID NO : 32	ORF13	28130-28426	-
SEQ ID NO : 33	Protéine ORF13	-	-
SEQ ID NO : 34	ORF14	-	-
SEQ ID NO : 35	Protéine ORF14	28583-28795	-
SEQ ID NO : 36	ORF-N*	28054-29430	-
SEQ ID NO : 37	Protéine N	-	-
SEQ ID NO : 38	ORF-N**	28054-29430	I-3048
SEQ ID NO : 39	5'non-codante**	1-204	I-3124
SEQ ID NO : 40	3'non-codante**	28933-29727	I-3123
	ORF1ab		-
SEQ ID NO : 41	Fragment L0	30-500	-
SEQ ID NO : 42	Fragment L1	211-2260	-
SEQ ID NO : 43	Fragment L2	2136-4187	-
SEQ ID NO : 44	Fragment L3	3892-5344	-
SEQ ID NO : 45	Fragment L4b	4932-6043	-
SEQ ID NO : 46	Fragment L4	5305-7318	-
SEQ ID NO : 47	Fragment L5	7275-9176	-
SEQ ID NO : 48	Fragment L6	9032-11086	-
SEQ ID NO : 49	Fragment L7	10298-12982	-
SEQ ID NO : 50	Fragment L8	12815-14854	-

SEQ ID NO : 51	Fragment L9	14745-16646	-
SEQ ID NO : 52	Fragment L10	16514-18590	-
SEQ ID NO : 53	Fragment L11	18500-20602	-
SEQ ID NO : 54	Fragment L12	20319-22224	-
SEQ ID NO : 55	Amorce N sens	-	-
SEQ ID NO : 56	Amorce N antisens	-	-
SEQ ID NO : 57	Amorce S _C sens	-	-
SEQ ID NO : 58	Amorce S _L sens	-	-
SEQ ID NO : 59	Amorce S _C e t S _L antisens	-	-
SEQ ID NO : 60	Amorce sens série 1	28507-28522	-
SEQ ID NO : 61	Amorce antisens série 1	28774-28759	-
SEQ ID NO : 62	Amorce sens série 2	28375-28390	-
SEQ ID NO : 63	Amorce antisens série 2	28702-28687	-
SEQ ID NO : 64	Sonde 1/série 1	28561-28586	-
SEQ ID NO : 65	Sonde 2/série 1	28588-28608	-
SEQ ID NO : 66	Sonde 1/série 2	28541-28563	-
SEQ ID NO : 67	Sonde 2/série 2	28565-28589	-
SEQ ID NO : 68	Amorce ancre 14T		
SEQ ID NO : 69	Peptide M2-14	-	-
SEQ ID NO : 70	Peptide E1-12	-	-
SEQ ID NO : 71	Peptide E53-76	-	-
SEQ ID NO : 72	5'non-codante*	1-204	-
SEQ ID NO : 73	3'non-codante*	28933-29727	-
SEQ ID NO : 74	Protéine ORF1a	-	-
SEQ ID NO : 75	Protéine ORF1b	-	-
SEQ ID NO:76-139	Amorces		

* produit d'amplification PCR (amplicon)

** insert cloné dans le plasmide déposé à la CNCM
ainsi qu'aux dessins annexés dans lesquels :

- la figure 1 illustre l'analyse par Western-blot de l'expression *in vitro* des protéines recombinantes N, S_C et S_L à partir des vecteurs d'expression pIVEX. Piste 1 : pIV2.3N. Piste 2 : pIV2.3S_C. Piste 3 : pIV2.3S_L. Piste 4 : pIV2.4N. Piste 5 : pIV2.4S_I ou pIV2.4S_C. Piste 6 : pIV2.4S_L. L'expression de la protéine GFP exprimée à partir du même vecteur est utilisée comme contrôle.

- la figure 2 illustre l'analyse par électrophorèse en gel de polyacrylamide en conditions dénaturantes (SDS-PAGE) et coloration au bleu de

Coomassie, de l'expression *in vivo* de la protéine N à partir des vecteurs d'expression pIVEX. La souche d'*E.coli* BL21(DE3)pDIA17 transformée par les vecteurs pIVEX recombinants est cultivée à 30°C dans du milieu LB, en présence ou en l'absence d'inducteur (IPTG 1mM). Piste 1 : pIV2.3N Piste 2 : pIV2.4N.

5 - la figure 3 illustre l'analyse par électrophorèse en gel de polyacrylamide en conditions dénaturantes (SDS-PAGE) et coloration au bleu de Coomassie, de l'expression *in vivo* des polypeptides S_L et S_C à partir des vecteurs d'expression pIVEX. La souche d'*E.coli* BL21(DE3)pDIA17 transformée par les vecteurs pIVEX recombinants est cultivée à 30°C dans du milieu LB, en présence ou
10 en l'absence d'inducteur (IPTG 1mM). Piste 1 : pIV2.3S_C Piste 2 : pIV2.3S_L. Piste 3 : pIV2.4S₁ Piste 4 : pIV2.4S_L.

- la figure 4 illustre l'activité antigénique des protéines N, S_L et S_C recombinantes produites dans la souche *E. coli* BL21(DE3)pDIA17 transformée par les vecteurs pIVEX recombinants. A : électrophorèse (SDS-PAGE) des lysats bacté-
15 riens. B et C : Western-blot avec les sérums, provenant d'un même patient infecté par le SARS-CoV, prélevés respectivement 8 jours (B : sérum M12) et 29 jours (C : sérum M13) après le début des symptômes du SRAS. Piste 1 : pIV2.3N. Piste 2 : pIV2.4N. Piste 3 : pIV2.3S_C. Piste 4 : pIV2.4 S₁. Piste 5 : pIV2.3S_L. Piste 6 : pIV2.4S_L

- la figure 5 illustre la purification sur colonne Ni-NTA agarose de la
20 protéine N recombinante produite dans la souche *E. coli* BL21(DE3)pDIA17 à partir du vecteur pIV2.3N. Piste 1 : Extrait bactérien total. Piste 2 : Extrait soluble. Piste 3 : Extrait insoluble. Piste 4 : Extrait déposé sur la colonne Ni-NTA. Piste 5 : protéines non-retenues. Piste 6 : Fractions du pic 1. Piste 7 : Fractions du pic 2.

- la figure 6 illustre la purification de la protéine S_C recombinante à
25 partir des corps d'inclusions produits dans la souche *E. coli* BL21(DE3)pDIA17 transformée par le pIV2.4S₁. A. Traitement au Triton X-100 (2%) : Piste 1 : Extrait bactérien total. Piste 2 : Extrait soluble. Piste 3 : Extrait insoluble. Piste 4 : Surnageant après traitement au Triton X-100 (2 %). Pistes 5 et 6 : Culot après traitement au Triton X-100 (2 %). B : Traitement à l'urée 4M, 5M, 6M et 7M des extraits solubles et inso-
30 lubles.

- la figure 7 représente l'immunoempreinte réalisée à l'aide d'un lysat de cellules infectées par le SARS-CoV et d'un sérum de patient atteint de pneumopathie atypique.

5 - la figure 8 représente des immunoempreintes réalisées à l'aide d'un lysat de cellules infectées par le SARS-CoV et d'immunsérums de lapins spécifiques de la nucléoprotéine N (A) et de la protéine de spicule S (B). I.S. : sérum immun. p.i. : sérum pré-immun. L'immunsérum anti-N a été utilisé au 1/50000 et l'immunsérum anti-S au 1/10000.

10 - la figure 9 illustre la réactivité en ELISA des sérums polyclonaux monospécifiques de lapin dirigés contre la protéine N ou le fragment court de la protéine S (S_C), vis-à-vis des protéines recombinantes correspondantes utilisées pour l'immunisation. A : lapins P13097, P13081, et P13031 immunisés avec la protéine N recombinante purifié. B : lapins P11135, P13042, et P14001 immunisés avec une préparation de corps d'inclusions correspondants au fragment court de la protéine S (S_C). I.S. : sérum immun. p.i. : sérum pré-immun.

20 - la figure 10 illustre la réactivité en ELISA de la protéine N recombinante purifiée, vis-à-vis de sérum de patients atteints de pneumonie atypique causée par le SARS-CoV. Figure 10a : plaques ELISA préparés avec la protéine N à la concentration de 4 µg/ml et 2 µg/ml. Figure 10b : plaque ELISA préparée avec la protéine N à la concentration de 1 µg/ml. Les sérums désignés A, B, D, E, F, G, H correspondent à ceux du Tableau IV.

25 - la figure 11 illustre l'amplification par RT-PCR de quantités décroissantes d'ARN synthétique du gène N du SARS-CoV (10^7 à 1 copie), à l'aide des couples d'amorces n° 1 (N/+28507,N/-28774) (A) et n° 2 (N/+28375,N/-28702) (B). T : amplification réalisée en l'absence d'ARN. MW : marqueur d'ADN.

30 - la figure 12 illustre l'amplification par RT-PCR en temps réel d'ARN synthétique du gène N du SARS-CoV : des quantités décroissantes d'ARN synthétique en répliquat (repli. ; pistes 16 à 29) ainsi que de l'ARN viral dilué au $1/20 \times 10^{-4}$ (piste 32) ont été amplifiés par RT-PCR en temps réel à l'aide du kit "Light Cycler RNA Amplification Kit Hybridization Probes" et des couples d'amorces et de sondes de la série n° 2, dans les conditions décrites à l'exemple 7.

- la figure13 (figure 13.1 à 13.70) représente la carte de restriction de la séquence SEQ ID NO : 1 correspondant à l'équivalent ADN du génome de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le numéro 031589.

Il doit être bien entendu, toutefois, que ces exemples sont donnés
5 uniquement à titre d'illustration de l'objet de l'invention, dont ils ne constituent en aucune manière une limitation.

Exemple 1 : Clonage et séquençage du génome de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le numéro 031589

L'ARN de la souche de SARS-CoV a été extrait à partir du prélè-
10 vement de lavage bronchoalvéolaire répertorié sous le numéro 031589, effectué sur un patient de l'hôpital français de Hanoi (Vietnam) atteint de SRAS.

L'ARN isolé a été utilisé comme matrice pour amplifier les ADNc correspondant aux différents cadres ouverts de lecture du génome (ORF 1a, ORF1b, ORF-S, ORF-E, ORF-M, ORF-N (incluant les ORF-13 et ORF-14), ORF3, ORF4,
15 ORF7 à ORF11), et aux extrémités 5' et 3' non-codantes. Les séquences des amorces et des sondes utilisées pour l'amplification/détection ont été définies d'après la séquence nucléotidique disponible du SARS-CoV.

Dans ce qui suit les amorces et les sondes sont identifiées par : la lettre S, suivie d'une lettre qui indique la région correspondante du génome (L pour
20 l'extrémité 5' incluant ORF1a et ORF1b ; S, M et N pour les ORF-S, ORF-M, ORF-N, SE et MN pour les régions intergéniques correspondantes), puis éventuellement de Fn, Rn, avec n inclus entre 1 et 6 correspondant aux amorces utilisées pour la PCR nichée ou imbriquée (paire F1 + R1 pour la première amplification, paire F2 + R2 pour la deuxième amplification, etc...), puis de +/- ou -/- correspondant à une amorce sens ou
25 antisens et enfin des positions des amorces en référence à la séquence Genbank AY27411.3 ; pour les amorces S et N sens et antisens et les autres amorces sens uniquement, lorsqu'une seule position est indiquée elle correspond à celle de l'extrémité 5' d'une sonde ou d'une amorce d'environ 20 bases ; pour les amorces antisens autres que les amorces S et N, lorsqu'une seule position est indiquée elle
30 correspond à celle de l'extrémité 3' d'une sonde ou d'une amorce d'environ 20 bases.

Les produits d'amplifications ainsi générés ont été séquencés à l'aide d'amorces spécifiques afin de déterminer la séquence complète du génome de la

souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le numéro 031589. Ces produits d'amplification, à l'exception de ceux correspondant aux ORF1a et ORF1b, ont ensuite été clonés dans des vecteurs d'expression afin de produire les protéines virales correspondantes et les anticorps dirigés contre ces protéines, notamment par immunisation à base d'ADN.

1. Extraction des ARN

Les ARN ont été extraits à l'aide du kit *QIamp viral RNA extraction mini* (QIAGEN) en suivant les recommandations du fabricant. De manière plus précise : 140 µl du prélèvement et 560 µl de tampon AVL ont été mélangés vigoureusement pendant 15 secondes, incubés 10 min à température ambiante puis centrifugés brièvement à vitesse maximale. 560 µl d'éthanol à 100% ont été ajoutés au surnageant et le mélange ainsi obtenu a été agité très vigoureusement pendant 15 sec. 630 µl du mélange ont ensuite été déposés sur la colonne.

La colonne a été placée sur un tube de 2 ml, centrifugée 1 min à 8000 rpm, puis le reste du mélange précédent a été déposé sur la même colonne, centrifugé à nouveau, 1 min à 8000 rpm et la colonne a été transférée sur un tube de 2 ml propre. Ensuite, 500 µl de tampon AW1 ont été ajoutés sur la colonne, puis la colonne a été centrifugée 1 min à 8000 rpm et l'éluat a été éliminé. 500 µl de tampon AW2 ont été ajoutés sur la colonne qui a ensuite été centrifugée 3 min à 14000 rpm et transférée sur un tube de 1,5 ml. Enfin, 60 µl de tampon AVE ont été ajoutés sur la colonne qui a été incubée 1 à 2 min à température ambiante puis centrifugée 1 min à 8000 rpm. L'éluat correspondant à l'ARN purifié a été récupéré et congelé à -20°C.

2. Amplification, séquençage et clonage des ADNc

2.1) ADNc codant pour la protéine S

Les ARN extraits à partir du prélèvement ont été soumis à une transcription inverse à l'aide d'oligonucléotides hexamériques de séquence aléatoire (pdN6), afin de produire des fragments d'ADNc.

La séquence codant pour la glycoprotéine S du SARS-CoV a été amplifiée sous la forme de deux fragments d'ADN chevauchants : fragment 5' (SRAS-Sa, SEQ ID NO:5) et fragment 3' (SRAS-Sb, SEQ ID NO:6), en réalisant deux amplifications successives à l'aide d'amorces imbriquées. Les amplicons ainsi obtenus

ont été séquencés, clonés dans le vecteur plasmidique PCR 2.1-TOPO™ (INVITROGEN), puis la séquence des ADNc clonés a été déterminée.

a) clonage et séquençage des fragments Sa et Sb

a₁) synthèse de l'ADNc

5 Le mélange réactionnel contenant : ARN (5 µl) , H₂O ppi (3,5 µl), tampon de transcriptase inverse5X (4 µl), dNTP 5 mM (2 µl), pdN6 100 ug/ml (4 µl), RNasin 40 UI/ul (0,5 µl) et transcriptase inverse AMV-RT, 10 UI/ul, PROMEGA (1µl) a été incubé dans un thermocycleur dans les conditions suivantes : 45 min à 42°C, 15 min à 55°C, 5 min à 95°C, puis l'ADNc obtenu a été maintenu à +4°C.

10 a₂) première amplification PCR

Les extrémités 5' et 3' du gène S ont été amplifiées respectivement avec les paires d'amorces S/F1/+ 21350-21372 et S/R1/- 23518-23498, S/F3/+ 23258-23277 et S/R3/- 25382-25363. Le mélange réactionnel de 50 µl contenant : ADNc (2 µl), amorces 50 µM (0,5 µl), tampon 10 X (5 µl), dNTP 5 mM (2 µl), Taq
15 Expand High Fidelity, Roche (0,75 µl) et H₂O (39, 75 µl) a été amplifié dans un thermocycleur, dans les conditions suivantes : une étape initiale de dénaturation à 94°C pendant 2 min a été suivie de 40 cycles comprenant : une étape de dénaturation à 94°C pendant 30 sec, une étape d'hybridation à 55°C pendant 30 sec puis une étape d'élongation à 72°C pendant 2 min 30 sec, avec 10 sec d'élongation supplémentaire à
20 chaque cycle, puis d'une étape finale d'élongation à 72°C pendant 5 min.

a₃) deuxième amplification PCR

Les produits de la première amplification PCR (amplicons 5' et 3') ont subi une seconde étape d'amplification PCR (PCR nichée) dans des conditions identiques à celles de la première amplification, avec les paires d'amorces
25 S/F2/+ 21406-21426 et S/R2/- 23454-23435, et S/F4/+ 23322-23341 et S/R4/- 25348-25329, respectivement pour l'amplicon 5' et l'amplicon 3'.

a₄) clonage et séquençage des fragments Sa et Sb

Les amplicons Sa (extrémité 5') et Sb (extrémité 3') ainsi obtenus ont été purifiés à l'aide du kit *QIAquick PCR purification* (QIAGEN), en suivant les
30 recommandations du fabricant, puis ils ont été clonés dans le vecteur PCR2.1-TOPO (kit Invitrogen), pour donner les plasmides dénommés SRAS-S1 et SRAS-S2.

L'ADN des clones Sa et Sb a été isolé puis l'insert correspondant a été séquencé à l'aide du Kit Big Dye, Applied Biosystem® et des amorces universelles M13 forward et M13 reverse, ainsi que des amorces : S/S+/21867, S/S+/22353, S/S+/22811, S/S+/23754, S/S+/24207, S/S+/24699, S/S+/24348, S/S-/24209, S/S-/23630, S/S-/23038, S/S-/22454, S/S-/21815, S/S-/24784, S/S+/21556, S/S+/23130 et S/S+/24465, en suivant les instructions du fabricant ; les séquences des fragments Sa et Sb ainsi obtenues correspondent aux séquences SEQ ID NO :5 et SEQ ID NO :6 dans la liste de séquences jointe en annexe.

Le plasmide, dénommé SARS-S1 a été déposé sous le n° I-3020, le 12 mai 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient un fragment 5' de la séquence du gène S de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, lequel fragment dénommé Sa correspondant aux nucléotides des positions 21406 à 23454 (SEQ ID NO :5), en référence à la séquence Genbank AY274119.3 Tor2.

Le plasmide, dénommé TOP10F'-SARS-S2 a été déposé sous le n° I-3019, le 12 mai 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient un fragment 3' de la séquence du gène S de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, lequel fragment dénommé Sb correspondant aux nucléotides des positions 23322 à 25348 (SEQ ID NO : 6), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3.

b) clonage et séquençage de l'ADNc complet (clone SRAS-S de 4 kb)

L'ADNc S complet a été obtenu à partir des clones SARS-S1 et SARS-S2 précités, de la façon suivante :

1) une réaction d'amplification PCR a été réalisée sur un clone SARS-S2 en présence de l'amorce S/R4-/25348-25329 précitée et de l'amorce S/S+/24696-24715: un amplicon de 633 bp a été obtenu,

2) une autre réaction d'amplification PCR a été réalisée sur un autre clone SARS-S2, en présence des amorces S/F4+/23322-23341 précitée et S/S-/24803-24784: un amplicon de 1481 pb a été obtenu,

La réaction d'amplification a été réalisée dans les conditions telles que définies ci-dessus pour l'amplification des fragments Sa et Sb, à l'exception que 30 cycles d'amplifications comprenant une étape de dénaturation à 94° C pendant 20 sec et une étape d'élongation à 72° C pendant 2 min 30 sec ont été effectués.

5 3) les 2 amplicons (633 pb et 1481 pb) ont été purifiés dans les conditions telles que définies ci-dessus pour les fragments Sa et Sb.

 4) une autre réaction d'amplification PCR à l'aide des amorces S/F4/+ /23322-23341 et S/R4/- /25348-25329 précitées, a été réalisée sur les amplicons purifiés obtenus en 3). La réaction d'amplification a été réalisée dans les conditions
10 telles que définies ci-dessus pour l'amplification des fragments Sa et Sb, à l'exception que 30 cycles d'amplifications ont été effectués.

 L'amplicon de 2026 pb ainsi obtenu a été purifié, cloné dans le vecteur PCR2.1-TOPO puis séquencé comme ci-dessus, à l'aide des amorces telles que définies ci-dessus pour les fragments Sa et Sb. Le clone ainsi obtenu a été
15 dénommé clone 3'.

 5) Le clone SARS-S1 précédemment obtenu et le clone 3' ont été digérés par *EcoR I*, les bandes d'environ 2kb ainsi obtenues ont été purifiées sur gel puis amplifiées par PCR avec les amorces S/F2/+ /21406-21426 et S/R4/- /25348-25329 précitées. La réaction d'amplification a été réalisée dans les conditions telles
20 que définies ci-dessus pour l'amplification des fragments Sa et Sb, à l'exception que 30 cycles d'amplifications ont été effectués. L'amplicon d'environ 4 kb a été purifié et séquencé. Il a ensuite été cloné dans le vecteur PCR2.1-TOPO pour donner le plasmide, dénommé SARS-S, et l'insert contenu dans ce plasmide a été séquencé comme ci-dessus, à l'aide des amorces telles que définies ci-dessus pour les fragments
25 Sa et Sb. Les séquences d'ADNc de l'insert et de l'amplicon codant pour la protéine S, correspondent respectivement aux séquences SEQ ID NO : 4 et SEQ ID NO : 2 dans la liste de séquences jointe en annexe, elles codent pour la protéine S (SEQ ID NO : 3).

 La séquence de l'amplicon correspondant à l'ADNc codant pour la
30 protéine S de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 présente les deux mutations suivantes par rapport aux séquences correspondantes de respective-

ment les isolats Tor2 et Urbani, les positions des mutations étant indiquées en référence à la séquence complète du génome de l'isolat Tor2 (Genbank AY274119.3) :

- g/t en position 23220 ; le codon alanine (gct) en position 577 de la séquence en acides aminés de la protéine S de Tor2 est remplacé par un codon sérine (tct),

- c/t en position 24872 : cette mutation ne modifie pas la séquence en acides aminés de la protéine S, et

Le plasmide, dénommé SARS-S, a été déposé sous le n° I-3059, le 20 juin 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient la séquence d'ADNc codant pour la protéine S de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 21406 à 25348 (SEQ ID NO :4), en référence à la séquence Genbank AY274119.3.

2.2) ADNc codant pour les protéines M et E

Les ARN issus du prélèvement 031589, extraits comme ci-dessus, ont été soumis à une transcription inverse, associée, lors de la même étape (kit *Titan One Step RT-PCR*®, Roche), à une réaction d'amplification par PCR, à l'aide des couples d'amorces :

- S/E/F1/+ /26051-26070 et S/E/R1/- /26455-26436 pour amplifier l'ORF-E, et
- S/M/F1/+ /26225-26244 et S/M/R1/- /27148-27129 pour amplifier l'ORF-M.

Un premier mélange réactionnel contenant : 8,6 µl d'H₂O_{ppi}, 1 µl de dNTP (5mM), 0,2 µl de chacune des amorces (50µM), 1,25 µl de DTT (100mM) et 0,25 µl de RNAsin (40UI/µl) a été combiné avec un deuxième mélange réactionnel contenant : 1 µl d'ARN, 7 µl d'H₂O_{ppi}, 5 µl de tampon de RT-PCR 5X et 0,5 µl de mélange d'enzyme et les mélanges combinés ont été incubés dans un thermocycleur dans les conditions suivantes : 30 min à 42°C, 10 min à 55°C, 2 min à 94°C suivi de 40 cycles comprenant une étape de dénaturation à 94°C pendant 10 sec, une étape d'hybridation à 55°C pendant 30 sec et une étape d'élongation à 68°C pendant 45 sec, avec 3 sec d'incrément par cycle et enfin une étape d'élongation terminale à 68°C pendant 7 min.

Les produits d'amplification ainsi obtenus (amplicons M et E) ont subi une deuxième amplification PCR (PCR nichée) en utilisant le kit Expand High-Fi®, Roche), à l'aide des couples d'amorces :

- S/E/F2/+ /26082-26101 et S/E/R2/- /26413-26394 pour l'amplicon E, et
- 5 - S/M/F2/+ /26330-26350 et S/M/R2/- /27098-27078 pour l'amplicon M.

Le mélange réactionnel contenant : 2 µl du produit de la première PCR, 39,25 µl d'H₂O_{pp}i, 5 µl de tampon 10X contenant du MgCl₂, 2 µl de dNTP (5mM), 0,5µl de chacune des amorces (50 µM) et 0,75µl de mélange d'enzyme a été incubé dans un thermocycleur dans les conditions suivantes : une étape de dénaturation à 94°C pendant 2 min a été suivie de 30 cycles comprenant une étape de dénaturation à 94°C pendant 15 sec, une étape d'hybridation à 60°C pendant 30 sec et une étape d'élongation à 72°C pendant 45 sec, avec 3 sec d'incrément par cycle, et enfin une étape d'élongation terminale à 72°C pendant 7 min. Les produits d'amplification obtenus correspondant aux ADNc codant pour les protéines E et M ont été séquencés

10 comme ci-dessus, à l'aide des amorces : S/E/F2/+ /26082 et S/E/R2/- /26394, S/M/F2/+ /26330, S/M/R2/- /27078 précitées et des amorces S/M/+ /26636-26655 et S/M/- /26567-26548. Ils ont ensuite été clonés, comme ci-dessus, pour donner les plasmides dénommés SARS-E et SARS-M. L'ADN de ces clones a ensuite été isolé et séquencé à l'aide des amorces universelles M13 forward et M13 reverse ainsi que des

15 amorces S/M/+ /26636 et S/M/- /26548 précitées.

20

La séquence de l'amplicon représentant l'ADNc codant pour la protéine E (SEQ ID NO : 13) de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 ne comporte pas de différences par rapport aux séquences correspondantes des isolats AY274119.3-Tor2 et AY278741-Urbani. La séquence de la protéine E de

25 la souche de SARS-CoV 031589 correspond à la séquence SEQ ID NO : 14 dans la liste de séquences jointe en annexe.

Le plasmide, dénommé SARS-E a été déposé sous le n° I-3046, le 28 mai 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient la séquence d'ADNc codant

30 pour la protéine E de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, laquelle séquence correspondant aux

nucléotides des positions 26082 à 26413 (SEQ ID NO :15), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3.

La séquence de l'amplicon représentant l'ADNc codant pour la M (SEQ ID NO :16) de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 ne
5 comporte pas de différences par rapport à la séquence correspondante de l'isolat AY274119.3-Tor2. En revanche, en position 26857, l'isolat AY278741-Urbani comporte un c et la séquence de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n°031589 un t. Cette mutation aboutit à une modification de la séquence en acides aminés de la protéine correspondante: en position 154, une proline
10 (AY278741-Urbani) est changée en sérine dans la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n°031589. La séquence de la protéine M de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n°031589 correspond à la séquence SEQ ID NO :17 dans la liste de séquences jointe en annexe.

Le plasmide, dénommé SARS-M a été déposé sous le n° I-3047, le
15 28 mai 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient la séquence d'ADNc codant pour la protéine M de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus ; laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 26330 à 27098 (SEQ ID NO :18), en référence à la séquence
20 Genbank n° d'accès AY274119.3.

2.3) ADNc correspondant aux ORF3, ORF4, ORF7 à ORF11

La même stratégie d'amplification, de clonage et de séquençage a été utilisée pour obtenir les fragments d'ADNc correspondant respectivement aux ORF suivantes : ORF 3, ORF4, ORF7, ORF8, ORF9, ORF10 et ORF11. Les couples
25 d'amorces utilisées pour la première amplification sont :

- ORF3 et ORF4 : S/SE/F1/+ /25069-25088 et S/SE/R1/- /26300-26281
- ORF7 à ORF11 : S/MN/F1/+ /26898-26917 et S/MN/R1/- /28287-28266

Les couples d'amorces utilisées pour la deuxième amplification sont :

- ORF3 et ORF4 : S/SE/F2/+ /25110-25129 et S/SE/R2/- /26244-26225
- 30 - ORF7 à ORF11 : S/MN/F2/+ /26977-26996 et S/MN/R2/- /28218-28199

Les conditions de la première amplification (RT-PCR) sont les suivantes : 45 min à 42°C, 10 min à 55°C, 2 min à 94°C suivi de 40 cycles compre-

nant une étape de dénaturation à 94°C pendant 15 sec, une étape d'hybridation à 58°C pendant 30 sec et une étape d'élongation à 68°C pendant 1 min, avec 5 sec d'incrément par cycle et enfin une étape d'élongation terminale à 68°C pendant 7 min.

- Les conditions de la PCR nichée sont les suivantes : une étape de dénaturation à 94°C pendant 2 min a été suivie de 40 cycles comprenant une étape de dénaturation à 94°C pendant 20 sec, une étape d'hybridation à 58°C pendant 30 sec et une étape d'élongation à 72°C pendant 50 sec, avec 4 sec d'incrément par cycle et enfin une étape d'élongation terminale à 72°C pendant 7 min.

- Les produits d'amplification obtenus correspondant aux ADNc contenant respectivement les ORF3 et 4 et les ORF7 à 11 ont été séquencés à l'aide des amorces : S/SE+/25363, S/SE+/25835, S/SE-/25494, S/SE-/25875, S/MN+/27839, S/MN+/27409, S/MN-/27836 S/MN-/27799 et clonés comme ci-dessus pour les autres ORF, pour donner les plasmides dénommés SARS-SE et SARS-MN. L'ADN de ces clones a été isolé et séquencé à l'aide de ces mêmes amorces et des amorces universelles M13 sens et M13 anti-sens.

- La séquence de l'amplicon représentant l'ADNc de la région contenant les ORF 3 et 4 (SEQ ID NO :7) de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 comporte une différence nucléotidique par rapport à la séquence correspondante de l'isolat AY274119-Tor2. Cette mutation en position 25298 aboutit à une modification de la séquence en acides aminés de la protéine correspondante (ORF 3): en position 11, une arginine (AY274119-Tor2) est changée en glycine dans la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589. En revanche, aucune mutation n'a été identifiée par rapport à la séquence correspondante de l'isolat AY278741-Urbani. Les séquences des ORF 3 et 4 la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 correspondent respectivement aux séquences SEQ ID NO :10 et 12 dans la liste de séquences jointe en annexe.

- Le plasmide, dénommé SARS-SE a été déposé sous le n° I-3126, le 13 novembre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient l'ADNc correspondant à la région située entre l'ORF-S et l'ORF-E et chevauchant l'ORF-E de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, laquelle région correspondant aux nucléotides des

positions 25110 à 26244 (SEQ ID NO :8), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3,

La séquence de l'amplicon représentant l'ADNc correspondant à la région contenant les ORF7 à ORF11 (SEQ ID NO :19) de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 ne comporte pas de différences par rapport aux séquences correspondantes des isolats AY274119-Tor2 et AY278741-Urbani. Les séquences des ORF7 à 11 de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 correspondent respectivement aux séquences SEQ ID NO : 22, 24, 26, 28 et 30 dans la liste de séquences jointe en annexe.

Le plasmide dénommé SARS-MN a été déposé sous le n° I-3125, le 13 novembre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient la séquence d'ADNc correspondant à la région située entre l'ORF-M et l'ORF-N de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589 et prélevée à Hanoi, telle que définie ci-dessus, laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 26977 à 28218 (SEQ ID NO :20), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3.

La séquence de l'amplicon représentant l'ADNc correspondant à la région contenant les ORF7 à ORF11 (SEQ ID NO :19) de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 ne comporte pas de différences par rapport aux séquences correspondantes des isolats AY274119-Tor2 et AY278741-Urbani. Les séquences des ORF7 à 11 de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 correspondent respectivement aux séquences SEQ ID NO : 22, 24, 26, 28 et 30 dans la liste de séquences jointe en annexe.

2.4) ADNc codant pour la protéine N et incluant les ORF13 et ORF14

L'ADNc a été synthétisé et amplifié comme décrit ci-dessus pour les fragments Sa et Sb. De manière plus précise, le mélange réactionnel contenant : 5 µl d'ARN, 5 µl d'H₂O ppi 4 µl de tampon de reverse transcriptase 5X, 2 µl de dNTP (5 mM), 2 µl d'oligo 20T (5 µM), 0,5 µl de RNasin (40 UI/ul) et 1, 5 µl de AMV-RT (10 UI/ul Promega) a été incubé dans un thermocycleur dans les conditions suivantes : 45 min à 42°C, 15 min à 55°C, 5 min à 95°C, puis il a été maintenu à +4°C.

Une première amplification PCR a été réalisée avec la paire d'amorces S/N/F3/+ /28023 et S/N/R3/- /29480.

Le mélange réactionnel comme ci-dessus pour l'amplification des fragments S1 et S2 a été incubé dans un thermocycleur, dans les conditions suivantes :

5 une étape initiale de dénaturation à 94°C pendant 2 min a été suivie de 40 cycles comprenant une étape de dénaturation à 94°C pendant 20 sec, une étape d'hybridation à 55°C pendant 30 sec puis une étape d'élongation à 72°C pendant 1 min 30 sec avec 10 sec d'élongation supplémentaire à chaque cycle, puis d'une étape finale d'élongation à 72°C pendant 5 min.

10 L'amplicon obtenu à la première amplification PCR a subi une seconde étape d'amplification PCR (PCR nichée) avec la paires d'amorce S/N/F4/+ /28054 et S/N/R4/- /29430 dans des conditions identiques à celles de la première amplification.

Le produit d'amplification obtenu correspondant à l'ADNc codant pour la protéine N de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589a été séquencé à l'aide des amorces : S/N/F4/+ /28054, S/N/R4/- /29430, S/N/+ /28468, S/N/+ /28918 et S/N/- /28607 et cloné comme ci-dessus pour les autres ORF, pour donner le plasmide dénommé SARS-N. L'ADN de ces clones a été isolé et séquencé à l'aide des amorces universelles M13 sens et M13 anti-sens, ainsi que des amorces

20 S/N/+ /28468, S/N/+ /28918 et S/N/- /28607.

La séquence de l'amplicon représentant l'ADNc correspondant à l'ORF-N et incluant les ORF13 et ORF14 (SEQ ID NO :36) de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 ne comporte pas de différences par rapport aux séquences correspondantes des isolats AY274119.3-Tor2 et AY278741-Urbani. La

25 séquence de la protéine N de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 correspond à la séquence SEQ ID NO : 37 dans la liste de séquences jointe en annexe.

Les séquences des ORF13 et 14 de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 correspondent respectivement aux séquences SEQ ID NO : 32 et 34 dans la liste de séquences jointe en annexe.

30 Le plasmide dénommé SARS-N a été déposé sous le n° I-3048, le 5 juin 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient l'ADNc codant pour la protéine

N de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 28054 à 29430 (SEQ ID NO :38), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3.

5 **2.5) extrémités 5' et 3' non-codantes**

a) extrémité 5' non-codante (5'NC)

a₁) synthèse de l'ADNc

Les ARN issus du prélèvement 031589, extraits comme ci-dessus, ont été soumis à une transcription inverse dans les conditions suivantes :

10 L'ARN (15 µl) et l'amorce S/L/-443 (3 µl à la concentration de 5µm, ont été incubés 10 min à 75°C.

Ensuite, du Tampon de transcriptase inverse 5X (6 µl, INVITROGEN), des dNTP 10 mM (1 µl), du DTT 0,1M (3 µl) ont été ajoutés et le mélange a été incubé à 50°C pendant 3 min.

15 Enfin la transcriptase inverse (3 µl de Superscript®, INVITROGEN) a été ajoutée au mélange précédent qui a été incubé à 50°C pendant 1h30 puis à 90 °C pendant 2 min.

L'ADNc ainsi obtenu a été purifié à l'aide du kit *QIAquick PCR purification* (QIAGEN), selon les recommandations du fabricant.

20 b₁) Réaction à la Terminal Transferase (TdT)

L'ADNc (10 µl) est incubé 2 min à 100°C, conservé dans la glace, puis sont ajoutés : H₂O (2,5 µl), tampon TdT 5X (4 µl, AMERSHAM), dATP 5mM (2 µl) et TdT (1,5 µl, AMERSHAM). Le mélange ainsi obtenu est incubé 45 min à 37°C puis 2 min à 65°C.

25 Le produit obtenu est amplifié par une première réaction PCR à l'aide des amorces : S/L/-225-206 et ancre 14T : 5'-AGATGAATTCGGTACCTTTTTTTTTTTTTTTT-3' (SEQ ID NO :68). Les conditions de l'amplification sont les suivantes : une étape initiale de dénaturation à 94°C pendant 2 min est suivie de 10 cycles comprenant une étape de dénaturation à 94°C pendant 10 sec, une étape d'hybridation à 45°C pendant 30 sec puis une étape d'elongation à 72°C pendant 30 sec puis de 30 cycles comprenant une étape de déna-
30 turation à 94°C pendant 10 sec, une étape d'hybridation à 50°C pendant 30 sec puis

une étape d'élongation à 72°C pendant 30 sec, puis d'une étape finale d'élongation à 72°C pendant 5 min.

Le produit de la première amplification PCR a subi une seconde étape d'amplification à l'aide des amorces : S/L/-/204-185 et ancre 14T précitée dans des conditions identiques à celles de la première amplification. L'amplicon ainsi obtenu a été purifié, séquencé à l'aide de l'amorce S/L/-/182-163 puis il a été cloné comme ci-dessus pour les différentes ORF, pour donner le plasmide dénommé SARS-5'NC. L'ADN de ce clone a été isolé et séquencé à l'aide des amorces universelles M13 sens et M13 anti-sens et de l'amorce S/L/-/182-163 précitée.

L'amplicon représentant l'ADNc correspondant à l'extrémité 5'NC de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589 correspond à la séquence SEQ ID NO : 72 dans la liste de séquences jointe en annexe ; cette séquence ne comporte pas de différences par rapport aux séquences correspondantes des isolats AY274119.3-Tor2 et AY278741-Urbani.

Le plasmide dénommé SARS-5'NC a été déposé sous le n° I- 3124, le 7 novembre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient l'ADNc correspondant à l'extrémité 5'non codante du génome de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 1 à 204 (SEQ ID NO :39), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3.

b) extrémité 3'non-codante (3'NC)

a) synthèse de l'ADNc

Les ARN issus du prélèvement 031589, extraits comme ci-dessus, ont été soumis à une transcription inverse, selon le protocole suivant : le mélange réactionnel contenant : ARN (5 µl), H₂O (5 µl), tampon de transcriptase inverse 5X (4 µl), dNTP 5 mM (2 µl), Oligo 20T 5µM (2 µl), RNasin 40 U/ µl (0,5 µl) et RT-AMV 10 UI/ µl (1,5 µl, PROMEGA) a été incubé dans un thermocycleur, dans les conditions suivantes : 45 min à 42°C, 15 min à 55°C, 5 min à 95°C, puis il a été maintenu à +4°C.

L'ADNc obtenu a été amplifié par une première réaction PCR à l'aide des amorces S/N/+ /28468-28487 et ancre 14T précitée. Les conditions de

l'amplification sont les suivantes : une étape initiale de dénaturation à 94°C pendant 2 min est suivie de 10 cycles comprenant une étape de dénaturation à 94°C pendant 20 sec, une étape d'hybridation à 45°C pendant 30 sec puis une étape d'élongation à 72°C pendant 50 sec puis de 30 cycles comprenant une étape de dénaturation à 94°C pendant 20 sec, une étape d'hybridation à 50°C pendant 30 sec puis une étape d'élongation à 72°C pendant 50 sec, puis d'une étape finale d'élongation à 72°C pendant 5 min.

Le produit de la première amplification PCR a subi une seconde étape d'amplification à l'aide des amorces S/N+/28933-28952 et ancre 14T précitée, dans des conditions identiques à celles de la première amplification. L'amplicon ainsi obtenu a été purifié, séquencé à l'aide de l'amorce S/N+/29257-29278 et cloné comme ci-dessus pour les différentes ORF, pour donner le plasmide dénommé SARS-3'NC. L'ADN de ce clone a été isolé et séquencé à l'aide des amorces universelles M13 sens et M13 anti-sens et de l'amorce S/N+/29257-29278 précitée.

L'amplicon représentant l'ADNc correspondant à l'extrémité 3'NC de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589 correspond à la séquence SEQ ID NO :73 dans la liste de séquences jointe en annexe ; cette séquence ne comporte pas de différences par rapport aux séquences correspondantes des isolats AY274119.3-Tor2 et AY278741-Urbani.

Le plasmide dénommé SARS-3'NC a été déposé sous le n° I-3123 le 7 novembre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15. ; il contient la séquence d'ADNc correspondant à l'extrémité 3'non codante du génome de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, laquelle séquence correspondant à celle située entre le nucléotide en position 28933 à 29727 (SEQ ID NO :40), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3, se termine par une série de nucléotides a.

2.6) ORF1a et ORF1b

L'amplification de la région 5' contenant les ORF1a et ORF1b du génome du SARS-CoV issu du prélèvement 031589 a été réalisée en pratiquant des réactions de RT-PCR suivies de PCR nichées selon les mêmes principes que ceux précédemment décrits pour les autres ORF. Les fragments amplifiés sont cheveu-

chants sur plusieurs dizaines de bases, permettant ainsi la reconstruction informatique de la séquence complète de cette partie du génome. En moyenne, les fragments amplifiés sont de deux kilobases.

14 fragments chevauchants dénommés L0 à L12 ont ainsi été

5 amplifiés à l'aide des amorces suivantes :

Tableau II: Amorces utilisées pour l'amplification de la région 5'(ORF1a et ORF1b)

REGION AMPLIFIEE ET SEQUENCEE (ne tient pas compte des amorces)	Amorce sens RT-PCR	Amorce antisens RT-PCR	Amorce sens PCR nichée	Amorce antisens PCR nichée
L0 50-480	S/L0/F1/+30	S/L0/R1/-481		
L1 231-2240	S/L1/F1/+147	S/L1/R1/-2336	S/L1/F2/+211	S/L1/R2/-2241
L2 2156-4167	S/L2/F1/+2033	S/L2/R1/-4192	S/L2/F2/+2136	S/L2/R2/-4168
L3 3913-5324	S/L3bis/F1/+3850	S/L3bis/R1/-5365	S/L3bis/F2/+3892	S/L3bis/R2/-5325
L4b 4952-6023	S/L4b/F1/+4878	S/L4b/R1/-6061	S/L4b/F2/+4932	S/L4b/R2/-6024
L4 5325-7318	S/L4/F1/+5272	S/L4/R1/-7392	S/L4/F2/+5305	S/L4/R2/-7323
L5 7296-9156	S/L5/F1/+7111	S/L5/R1/-9253	S/L5/F2/+7275	S/L5/R2/-9157
L6 9053-11066	S/L6/F1/+8975	S/L6/R1/-11151	S/L6/F2/+9032	S/L6/R2/-11067
L7 10928-12962	S/L7/F1/+10883	S/L7/R1/-13050	S/L7/F2/+10928	S/L7/R2/-12963
L8 12835-14834	S/L8/F1/+12690	S/L8/R1/-14857	S/L8/F2/+12815	S/L8/R2/-14835
L9 14765-16624	S/L9/F1/+14688	S/L9/R1/-16678	S/L9/F2/+14745	S/L9/R2/-16625
L10 16534-18570	S/L10/F1/+16451	S/L10/R1/-18594	S/L10/F2/+16514	S/L10/R2/-18571
L11 18521-20582	S/L11/F1/+18441	S/L11/R1/-20612	S/L11/F2/+18500	S/L11/R2/-20583
L12 20338-22205	S/L12/F1/+20279	S/L12/R1/-22229	S/L12/F2/+20319	S/L12/R2/-22206

Tous les fragments ont été amplifiés dans les conditions suivantes, excepté le fragment L0 qui a été amplifié comme décrit ci-dessus pour l'ORF-M :

- 10 - RT-PCR: 30 min à 42°C, 15 min à 55°C, 2 min à 94°C, puis l'ADNc obtenu est amplifié dans les conditions suivantes : 40 cycles comprenant : une étape de dénaturation à 94°C pendant 15 sec, une étape d'hybridation à 58°C pendant 30 sec puis une étape d'élongation à 68°C pendant 1 min 30 sec, avec 5 sec d'élongation supplémentaire à chaque cycle, puis une étape finale d'élongation à 68°C
- 15 pendant 7 min.

- PCR nichée : une étape initiale de dénaturation à 94°C pendant 2 min est suivie de 35 cycles comprenant : une étape de dénaturation à 94°C pendant 15 sec, une étape d'hybridation à 60°C pendant 30 sec puis une étape d'élongation à 72°C pendant 1 min 30 sec, avec 5 sec d'élongation supplémentaire à chaque cycle, puis une étape finale d'élongation à 72°C pendant 7 min.

Les produits d'amplifications ont été séquencés à l'aide des amorces définies dans le Tableau III ci-après :

Tableau III : Amorces utilisées pour le séquençage de la région 5' (ORF1a et ORF1b)

Noms	Séquences (SEQ ID NO : 76 à 139)
S/L3/+14932	5'-CCACACACAGCTTGTGGATA-3'
S/L4/+16401	5'-CCGAAGTTGTAGGCAATGTC-3'
S/L4/+16964	5'-TTTGGTGCTCCTTCTTATTG-3'
S/L4/-16817	5'-CCGGCATCCAAACATAATTT-3'
S/L5/-17633	5'-TGGTCAGTAGGGTTGATTGG-3'
S/L5/-18127	5'-CATCCTTTGTGTCAACATCG-3'
S/L5/-18633	5'-GTCACGAGTGACACCATCCT-3'
S/L5/+17839	5'-ATGCGACGAGTCTGCTTCTA-3'
S/L5/+18785	5'-TTCATAGTGCCTGGCTTACC-3'
S/L5/+18255	5'-ATCTTGGCGCATGTATTGAC-3'
S/L6/-19422	5'-TGCATTAGCAGCAACAACAT-3'
S/L6/-19966	5'-TCTGCAGAACAGCAGAAGTG-3'
S/L6/-110542	5'-CCTGTGCAGTTTGTCTGTCA-3'
S/L6/+110677	5'-CCTTGTGGCAATGAAGTACA-3'
S/L6/+110106	5'-ATGTCATTTGCACAGCAGAA-3'
S/L6/+19571	5'-CTTCAATGGTTTGCCATGTT-3'
S/L7/-111271	5'-TGCGAGCTGTCATGAGAATA-3'
S/L7/-111801	5'-AACCGAGAGCAGTACCACAG-3'
S/L7/-112383	5'-TTTGGCTGCTGTAGTCAATG-3'
S/L7/+112640	5'-CTACGACAGATGTCCTGTGC-3'
S/L7/+112088	5'-GAGCAGGCTGTAGCTAATGG-3'
S/L7/+111551	5'-TTAGGCTATTGTTGCTGCTG-3'
S/L8/-13160	5'-CAGACAACATGAAGCACCAC-3'
S/L8/-13704	5'-CGCTGACGTGATATATGTGG-3'
S/L8/-14284	5'-TGCACAATGAAGGATACACC-3'
S/L8/+114453	5'-ACATAGCTCGCGTCTCAGTT-3'
S/L8/+113968	5'-GGCATTGTAGGCGTACTGAC-3'
S/L8/+113401	5'-GTTTGCGGTGTAAGTGCAG-3'
S/L9/-15098	5'-TAGTGGCGGCTATTGACTTC-3'
S/L9/-15677	5'-CTAAACCTTGAGCCGCATAG-3'
S/L9/-16247	5'-CATGGTCATAGCAGCACTTG-3'
S/L9/+16323	5'-CCAGGTTGTGATGTCACTGAT-3'
S/L9/+15858	5'-CCTTACCCAGATCCATCAAG-3'
S/L9/+15288	5'-CGCAAACATAAACTTGCTG-3'
S/L10/-16914	5'-AGTGTTGGGTACAAGCCAGT-3'
S/L10/-17466	5'-GTTCCAAGGAACATGTCTGG-3'
S/L10/-18022	5'-AGGTGCCTGTGTAGGATGAA-3'
S/L10/+18245	5'-GGGCTGTCATGCAACTAGAG-3'
S/L10/+17663	5'-TCTTACACGCAATCCTGCTT-3'

S/L10/+17061	5'-TACCCATCTGCTCGCATAGT-3'
S/L11/-118877	5'-GCAAGCAGAATTAACCCTCA-3'
S/L11/-19396	5'-AGCACCACTAAATTGCATC-3'
S/L11/-20002	5'-TGGTCCCTTTGAAGGTGTTA-3'
S/L11/+20245	5'-TCGAACACATCGTTTATGGA-3'
S/L11/+19611	5'-GAAGCACCTGTTTCCATCAT-3'
S/L11/+19021	5'-ACGATGCTCAGCCATGTAGT-3'
SARS/L1/F3/+800	5'-GAGGTGCAGTCACTCGCTAT-3'
SARS/L1/F4/+1391	5'-CAGAGATTGGACCTGAGCAT-3'
SARS/L1/F5/+1925	5'-CAGCAAACCACTCAATTCCT-3'
SARS/L1/R3/-1674	5'-AAATGATGGCAACCTCTTCA-3'
SARS/L1/R4/-1107	5'-CACGTGGTTGAATGACTTTG-3'
SARS/L1/R5/-520	5'-ATTTCTGCAACCAGCTCAAC-3'
SARS/L2/F3/+2664	5'-CGCATTGTCTCCTGGTTTAC-3'
SARS/L2/F4/+3232	5'-GAGATTGAGCCAGAACCAGA-3'
SARS/L2/F5/+3746	5'-ATGAGCAGGTTGTCATGGAT-3'
SARS/L2/R3/-3579	5'-CTGCCTTAAGAAGCTGGATG-3'
SARS/L2/R4/-2991	5'-TTTCTTCACCAGCATCATCA-3'
SARS/L2/R5/-2529	5'-CACCGTTCTTGAGAACAACC-3'
SARS/L3/F3/+4708	5'-TCTTTGGCTGGCTCTTACAG-3'
SARS/L3/F4/+5305	5'-GCTGGTGATGCTGCTAACTT-3'
SARS/L3/F5/+5822	5'-CCATCAAGCCTGTGTCGTAT-3'
SARS/L3/R3/-5610	5'-CAGGTGGTGCAGACATCATA-3'
SARS/L3/R4/-4988	5'-AACATCAGCACCATCCAAGT-3'
SARS/L3/R5/-4437	5'-ATCGGACACCATAGTCAACG-3'

Les séquences des fragments L0 à L12 de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, correspondent respectivement aux séquences SEQ ID NO :41 à SEQ ID NO :54 dans la liste de séquences jointe en annexe. Parmi ces séquences, seule celle correspondant aux fragments L5 comporte une différence nucléotidique par rapport à la séquence correspondante de l'isolat AY278741-Urbani. Cette mutation t/c en position 7919 aboutit à une modification de la séquence en acides aminés de la protéine correspondante, codée par l'ORF 1a: en position 2552, une valine (codon gtt ; AY278741) est changée en alanine (codon gct) dans la souche de SARS-CoV 031589. En revanche, aucune mutation n'a été identifiée par rapport à la séquence correspondante de l'isolat AY274119.3-Urbani. Les autres fragments ne présentent pas de différences par rapport aux séquences correspondantes des isolats Tor2 et Urbani.

Exemple 2 : Production et purification de protéines N et S recombinantes de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le numéro 031589

La protéine entière et deux fragments polypeptidiques de la protéine S de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le numéro 031589 ont été produites chez *E. coli*, sous forme de protéines de fusion comprenant une étiquette polyhistidine N-ou C-terminale. Dans les deux polypeptides S, les séquences hydrophobes N et C-terminales de la protéine S (peptide signal : positions 1 à 13 et hélice transmembranaire : positions 1196 à 1218) ont été délétées alors que l'hélice β (positions 565 à 687) et les deux motifs de type coiled-coils (positions 895 à 980 et 1155 à 1186) de la protéine S ont été préservés. Ces deux polypeptides sont constitués par : un fragment long (S_L) correspondant aux positions 14 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S et un fragment court (S_C) correspondant aux positions 475 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S.

1) Clonage des ADNc N, S_L et S_C dans les vecteurs d'expression pIVEX2.3 et pIVEX2.4

Les ADNc correspondant à la protéine N et aux fragments S_L et S_C ont été amplifiés par PCR dans des conditions standard, à l'aide de l'ADN polymérase Platinum Pfx® (INVITROGEN). Les plasmides SRAS-N et SRAS-S ont été utilisés comme matrice et les oligonucléotides suivants comme amorces :

5'-CCCATATGTCTGATAATGGACCCCAATCAAAC-3' (N sens, SEQ ID NO :55)
 5'-CCCCCGGGTGCCTGAGTTGAATCAGCAGAAGC-3' (N antisens, SEQ ID NO :56)
 5'-CCCATATGAGTGACCTTGACCGGTGCACCAC-3' (S_C sens, SEQ ID NO :57)
 5'-CCCATATGAAACCTTGACCCCCACCTGCTC-3' (S_L sens, SEQ ID NO :58)
 5'-CCCCCGGGTTTAATATATTGCTCATATTTTCCC-3' (S_C et S_L antisens, SEQ ID NO :59).

Les amorces sens introduisent un site *NdeI* (souligné) alors que les amorces antisens introduisent un site *XmaI* ou *SmaI* (souligné). Les 3 produits d'amplification ont été purifiés sur colonne (kit *QIAquick PCR Purification*, QIAGEN) et clonés dans un vecteur approprié. L'ADN plasmidique purifié des 3 constructions (kit *QIAfilter Midi Plasmid*, QIAGEN) a été vérifié par séquençage et digéré par les enzymes *NdeI* et *XmaI*. Les 3 fragments correspondants aux ADNc N, S_L et S_C ont été purifiés sur gel d'agarose puis insérés dans les plasmides pIVEX2.3MCS (étiquette

polyhistidine C-terminale) et pIVEX2.4d (étiquette polyhistidine N-terminale) préalablement digérés par les mêmes enzymes. Après vérification des constructions, les 6 vecteurs d'expressions ainsi obtenus (pIV2.3N, pIV2.3Sc, pIV2.3SL, pIV2.4N, pIV2.4Sc également dénommé pIV2.4S₁, pIV2.4SL) ont été ensuite utilisés, d'une part pour tester l'expression des protéines *in-vitro*, et d'autre part pour transformer la souche bactérienne BL21(DE3)pDIA17 (NOVAGEN). Ces constructions codent pour des protéines dont la masse moléculaire attendue est la suivante : pIV2.3N (47174 Da), pIV2.3Sc (82897 Da), pIV2.3SL (132056 Da), pIV2.4N (48996 Da), pIV2.4S₁ (81076 Da) et pIV2.4SL (133877 Da).

10 2) Analyse de l'expression des protéines recombinantes *in-vitro* et *in vivo*

L'expression de protéines recombinantes à partir des 6 vecteurs recombinants a été testée, dans un premier temps, dans un système *in-vitro* (RTS100, Roche). Les protéines produites *in vitro*, après une incubation des vecteurs recombinants pIVEX, 4h à 30°C, dans le système RTS100, ont été analysées par western-blot à l'aide d'un anticorps anti-(his)₆ couplé à la peroxydase. Le résultat d'expression *in-vitro* (Figure 1) montre que seule la protéine N est exprimée en quantités importantes, cela quelle que soit la position, N- ou C-terminale, de l'étiquette polyhistidine. Dans une seconde étape, l'expression des protéines N et S a été testée *in-vivo* à 30°C dans du milieu LB, en présence ou en l'absence d'inducteur (IPTG 1mM). La protéine N est très bien produite dans ce système bactérien (Figure 2) et se retrouve principalement dans une fraction soluble après lyse des bactéries. En revanche, la version longue de S (S_L) est très peu produite et complètement insoluble (Figure 3). La version courte (Sc) présente également une très faible solubilité, mais un taux d'expression beaucoup plus élevé que celui de la version longue. Par ailleurs, la construction S_C fusionnée à une étiquette polyhistidine en position C-terminale présente une taille plus faible que celle attendue. Une expérience d'immunodétection avec un anticorps anti-polyhistidine a montré que cette construction était incomplète. En conclusion, les deux constructions, pIV2.3N et pIV2.4S₁, exprimant respectivement la protéine N entière fusionnée à l'étiquette polyhistidine en C-terminal et la protéine S courte fusionnée à l'étiquette polyhistidine en N-terminal, ont été retenues pour produire les deux protéines en grande quantité afin de les purifier.

3) Analyse de l'activité antigénique des protéines recombinantes

L'activité antigénique des protéines N, S_L et S_C a été testée par western-blot, à l'aide de deux échantillons de sérum, provenant d'un même patient infecté par le SARS-CoV, prélevés 8 jours (M12) et 29 jours-(M13) après le début des
5 symptômes du SRAS. Le protocole expérimental est comme décrit à l'exemple 3. Les résultats illustrés par la figure 4 montrent (i) la séroconversion du patient, et (ii) que la protéine N possède une plus forte réactivité antigénique que la protéine S courte.

4) Purification de la protéine N à partir de pIV2.3N

Plusieurs expériences de purification de la protéine N, produite à
10 partir du vecteur pIV2.3N, ont été réalisées selon le protocole suivant. Les bactéries BL21(DE3)pDIA17, transformées par le vecteur d'expression pIV2.3N, ont été cultivées à 30°C dans 1 litre de milieu de culture contenant 0,1 mg/ml d'ampicilline, et induites par 1 mM IPTG quand la densité cellulaire, équivalente à A₆₀₀ = 0,8, est atteinte (environ 3 heures). Après 2 heures de culture en présence d'inducteur, les
15 cellules ont été récupérées par centrifugation (10 min à 5000 rpm), remises en suspension dans le tampon de lyse (50 mM NaH₂PO₄, NaCl 0,3 M, 20 mM imidazole, pH 8 contenant le mélange d'inhibiteurs de protéases *Complete*®, Roche), et lysées par la presse de French (12000 psi). Après centrifugation du lysat bactérien (15 min à 12000 rpm), le surnageant (50 ml) a été déposé à un débit de 1ml/min sur une colonne (15
20 ml) de chélation métallique (Ni-NTA superflow, Qiagen), équilibrée par le tampon de lyse. Après lavage de la colonne par 200 ml de tampon de lyse, la protéine N a été éluée par un gradient d'imidazole (20 →250 mM) en 10 volumes de colonne. Les fractions contenant la protéine N ont été rassemblées et analysées par électrophorèse en gel de polyacrylamide en conditions dénaturantes puis coloration au bleu de
25 Coomassie. Les résultats illustrés par la figure 5 montrent que le protocole employé permet de purifier la protéine N avec une homogénéité très satisfaisante (95%) et un rendement moyen de 15 mg de protéine par litre de culture.

5) Purification de la protéine S_C à partir de pIV2.4S_C (pIV2.4S₁)

Le protocole suivi pour purifier la protéine S courte est très différent
30 de celui décrit ci-dessus car la protéine est fortement aggrégée dans le système bactérien (corps d'inclusion). Les bactéries BL21(DE3)pDIA17, transformées par le vecteur d'expression pIV2.4S₁ ont été cultivées à 30°C dans 1 litre de milieu de

culture contenant 0,1 mg/ml d'ampicilline, et induites par 1 mM IPTG quand la densité cellulaire, équivalente à $A_{600} = 0,8$, est atteinte (environ 3 heures). Après 2 heures de culture en présence d'inducteur, les cellules ont été récupérées par centrifugation (10 min à 5000 rpm), remises en suspension dans le tampon de lyse (0,1 M Tris-HCl, EDTA 1 mM, pH 7,5), et lysées par la presse de French (1200 psi). Après 5 centrifugation du lysat bactérien (15 min à 12000 rpm), le culot a été remis en suspension dans 25 ml de tampon de lyse contenant 2% Triton X100 et 10 mM β -mercaptoéthanol, puis centrifugé pendant 20 min à 12000 rpm. Le culot a été remis en suspension dans un tampon Tris-HCl 10 mM contenant 7 M urée, et mis en agitation 10 douce pendant 30 min à température ambiante. Ce dernier lavage des corps d'inclusion avec 7 M urée est nécessaire pour éliminer la plupart des protéines membranaires d'*E. coli* qui co-sédimentent avec la protéine S_C agrégée. Après une dernière centrifugation pendant 20 min à 12000 rpm, le culot final est remis en suspension dans le tampon Tris-HCl 10 mM. L'analyse électrophorétique de cette 15 préparation (Figure 6) montre que la protéine S courte peut être purifiée avec une homogénéité satisfaisante (environ 90%) à partir des corps d'inclusion (extrait insoluble).

Exemple 3 : Immunodominance de la protéine N

La réactivité des anticorps présents dans le sérum des patients 20 atteints de pneumopathie atypique causée par le coronavirus associé au SRAS (SARS-CoV), vis-à-vis des différentes protéines de ce virus, a été analysée par western-blot dans les conditions décrites ci-après.

1) Matériel

a) lysat de cellules infectées par le SARS-CoV

25 Des cellules Vero E6 (2×10^6) ont été infectées par le SARS-CoV (isolat répertorié sous le numéro FFM/MA104) à une multiplicité d'infection (M.O.I.) de 10^{-1} ou 10^{-2} puis incubées dans du milieu DMEM contenant 2% de SVF, à 35°C dans une atmosphère contenant 5% de CO_2 . 48 heures plus tard, le tapis cellulaire a été lavé avec du PBS puis lysé avec 500 μ l de tampon de dépôt préparé selon Laemmli 30 et contenant du β -mercaptoéthanol. Les échantillons ont ensuite été bouillis 10 minutes puis soniqués 3 fois 20 secondes.

b) anticorps**b₁) sérum de patient atteint de pneumopathie atypique**

Le sérum référencé au Centre National de Référence des virus influenzae (Région-Nord) sous le N° 20033168 est celui d'un patient français atteint d'une pneumopathie atypique causée par le SARS-CoV prélevé au jour 38 après le début des symptômes ; le diagnostic d'infection par le SARS-CoV a été réalisé par RT-PCR nichée et PCR quantitative.

b₂) sérums polyclonaux de lapin monospécifiques dirigés contre la protéine N ou la protéine S

Les sérums sont ceux produits à partir des protéines recombinantes N et S_C (exemple 2), selon le protocole d'immunisation décrit à l'exemple 4 ; il s'agit du sérum du lapin P13097 (sérum anti-N) et du sérum du lapin P11135 (sérum anti-S).

2) Méthode

20 µl de lysat de cellules infectées par le SARS-CoV à des M.O.I. de 10⁻¹ et 10⁻² et, à titre de contrôle, 20 µl d'un lysat de cellules non infectées (mock) ont été séparés sur un gel SDS à 10% de polyacrylamide puis transférés sur une membrane de nitrocellulose. Après blocage dans une solution de PBS/lait 5%/Tween 0,1% et lavage en PBS/Tween 0,1%, cette membrane a été hybridée pendant une nuit à 4°C avec : (i) l'immun-sérum N° 20033168 dilué au 1/300, 1/1000 et 1/3000 dans le tampon PBS/BSA 1%/Tween 0,1%, (ii) le sérum du lapin P13097 (sérum anti-N) dilué au 1/50000 dans le même tampon et (iii) le sérum du lapin P11135 (sérum anti-S) dilué au 1/10000 dans le même tampon. Après lavage en PBS/Tween, une hybridation secondaire a été réalisée à l'aide, soit d'anticorps polyclonaux de mouton dirigés contre les chaînes lourdes et légères des immunoglobulines G humaines et couplés à la peroxidase (NA933V, Amersham), soit d'anticorps polyclonaux d'âne dirigés contre les chaînes lourdes et légères des immunoglobulines G de lapin et couplés à la peroxidase (NA934V, Amersham). Les anticorps fixés ont été révélés à l'aide du kit ECL+ (Amersham) et de films d'autoradiographie Hyperfilm MP (Amersham). Une échelle de masse moléculaire (kDa) est portée sur la figure.

3) Résultats

La figure 7 montre que trois polypeptides de masse moléculaire apparente 35, 55 et 200 kDa sont détectés spécifiquement dans les extraits de cellules infectées par le SARS-CoV.

5 Afin d'identifier ces polypeptides, deux autres immunoempreintes (figure 8) ont été réalisées sur les mêmes échantillons et dans les mêmes conditions avec des anticorps polyclonaux de lapins spécifique de la nucléoprotéine N (lapin P13097, figure 8A) et de la protéine de spicule S (lapin P11135, figure 8B) Cette expérience montre que le polypeptide de 200 kDa correspond à la glycoprotéine de
10 spicule S du SARS-CoV, que le polypeptide de 55 kDa correspond à la nucléoprotéine N tandis que le polypeptide de 35 kDa représente vraisemblablement une forme tronquée ou dégradée de la N.

Les données présentées dans la figure 7 montrent donc que le sérum 20033168 réagit fortement avec la N et beaucoup plus faiblement avec la S du SARS-
15 CoV, puisque les polypeptides de 35 et 55 kDa sont révélés sous la forme de bandes intenses pour des dilutions de 1/300, 1/1000 et 1/3000 de l'immunsérum alors que le polypeptide de 200 kDa n'est que faiblement révélé pour une dilution de 1/300. On peut noter également qu'aucun autre polypeptide du SARS-CoV n'est détecté pour des dilutions supérieures au 1/300 du sérum 20033168.

20 Cette expérience indique que la réponse en anticorps spécifique de la N du SARS-CoV domine les réponses en anticorps spécifiques des autres polypeptides du SARS-CoV et en particulier la réponse en anticorps dirigée contre la glycoprotéine S. Elle indique une immunodominance de la nucléoprotéine N lors des infections humaines par le SARS-CoV.

25 **Exemple 4 : Préparation d'anticorps polyclonaux monospécifiques dirigés contre les protéines N et S du coronavirus associé au SRAS (SARS-CoV)**

1) Matériel et méthode

Trois lapins (P13097, P13081, P13031) ont été immunisés avec le polypeptide recombinant purifié correspondant à l'intégralité de la nucléoprotéine (N),
30 préparé selon le protocole décrit à l'exemple 2. Après une première injection de 0,35 mg par lapin de protéine émulsionnée en adjuvant complet de Freund (voie intradermique), les animaux ont reçus 3 injections de rappel à 3 puis 4 semaines

d'intervalle, de 0,35 mg de protéine recombinante émulsionnée en adjuvant incomplet de Freund.

Trois lapins (P11135, P13042, P14001) ont été immunisés avec le polypeptide recombinant correspondant au fragment court de la protéine S (Sc), produit comme décrit à l'exemple 2. Comme ce polypeptide est retrouvé principalement sous la forme de corps d'inclusion dans le cytoplasme bactérien, les animaux ont reçus 4 injections intra-dermiques à 3-4 semaines d'intervalle d'une préparation de corps d'inclusion correspondant à 0,5 mg de protéine recombinante émulsionnée en adjuvant incomplet de Freund. Les 3 premières injections ont été réalisées avec une préparation de corps d'inclusion préparés selon le protocole décrit à l'exemple 2, tandis que la quatrième injection a été réalisée avec une préparation de corps d'inclusion qui ont été préparés selon le protocole décrit à l'exemple 2 puis purifiés sur gradient de saccharose et lavés en 2 % Triton X100.

Pour chaque lapin, un sérum pré-immun (p.i.) a été préparé avant la première immunisation et un immun-sérum (I.S.) 5 semaines après la quatrième immunisation.

Dans un premier temps, la réactivité des sérums a été analysée par test ELISA vis à vis de préparations de protéines recombinantes semblables à celles utilisées pour les immunisations ; les tests ELISA ont été réalisés selon le protocole et avec les réactifs tels que décrits à l'exemple 6.

Dans un deuxième temps, la réactivité des sérums a été analysée en réalisant une immunoempreinte (western blot) d'un lysat de cellules infectées par le SARS-CoV, en suivant le protocole tel que décrit à l'exemple 3.

2) Résultats

Les tests ELISA (figure 9) démontrent que les préparations de protéine N recombinante et de corps d'inclusion du fragment court de la protéine S (Sc) sont immunogènes chez l'animal et que le titre des sérums immuns est élevé (plus de 1/25000).

L'immunoempreinte (figure 8) montre que le sérum immun du lapin P13097 reconnaît deux polypeptides présents dans les lysats de cellules infectées par le SARS-CoV : un polypeptide dont la masse moléculaire apparente (50-55 kDa selon les expériences) est compatible avec celle de la nucléoprotéine N (422 résidus, masse

moléculaire prédite de 46 kDa) et un polypeptide de 35 kDa, qui représente vraisemblablement une forme tronquée ou dégradée de la N.

Cette expérience montre également que le sérum du lapin P11135 reconnaît principalement un polypeptide dont la masse moléculaire apparente (180-
 5 220 kDa selon les expériences) est compatible avec une forme glycosylée de la S (1255 résidus, chaîne polypeptidique non glycosylée de 139 kDa), ainsi que des polypeptides plus légers, qui représentent vraisemblablement des formes tronquées et/ou non glycosylées de la S.

En conclusion, l'ensemble de ces expériences démontrent que des
 10 polypeptides recombinants exprimés chez *E. coli* et correspondant aux protéines N et S du SARS-CoV permettent d'induire chez l'animal des anticorps polyclonaux capables de reconnaître les formes natives de ces protéines.

Exemple 5 : Préparation d'anticorps polyclonaux monospécifiques dirigés contre les protéines M et E du coronavirus associé au SRAS (SARS-CoV)

15 **1) Analyse de la structure des protéines M et E**

a) Protéine E

La structure de la protéine E du SARS-CoV (76 acides aminés) a été analysée *in silico*, à l'aide de différents logiciels comme signalP v1.1, NetNGlyc 1.0, THMM 1.0 et 2.0 (Krogh et al., 2001, J. Mol. Biol., 305(3):567-580) ou encore
 20 TOPPRED (von Heijne, 1992, J. Mol. Biol. 225, 487-494). L'analyse montre que ce polypeptide non glycosylé est une protéine membranaire de type 1, contenant une seule hélice transmembranaire (aa 12-34 d'après THMM), et dont la plus grande partie du domaine hydrophile (42 résidus) est localisée à l'extrémité C-terminale et vraisemblablement à l'intérieur de la particule virale (endodomaine). On peut noter une inver-
 25 sion dans la topologie prédite par les versions 1.0 (N-ter est externe) et 2.0 (N-ter est interne) du logiciel THMM, mais que d'autres algorithmes, notamment TOPPRED et THUMBUP (Zhou et Zhou, 2003, Protein Science 12 :1547-1555) confirment une localisation externe de l'extrémité N-terminale de E.

b) Protéine M

30 Une analyse similaire réalisée sur la protéine M du SARS-CoV (221 acides aminés) montre que ce polypeptide ne possède pas de peptide signal (d'après le logiciel signalP v1.1) mais trois domaines transmembranaires (résidus 15-37, 50-72,

77-99 d'après THMM2.0) et un grand domaine hydrophile (aa 100-221) localisé à l'intérieur de la particule virale (endodomaine). Elle est vraisemblablement glycosylée sur l'asparagine en position 4 (d'après NetNGlyc 1.0).

Ainsi, en accord avec les données expérimentales connues pour les autres coronavirus, il est remarquable que les deux protéines M et E présentent des endodomaines correspondant à la majeure partie des polypeptides et des ectodomaines de très petite taille.

- l'ectodomaine de E correspond vraisemblablement aux résidus 1 à 11 ou 1 à 12 de la protéine : MYSFVSEETGT(L), SEQ ID NO : 70. En effet, la probabilité associée à la localisation transmembranaire du résidu 12 est intermédiaire (0,56 d'après THMM 2.0).

- l'ectodomaine de M correspond vraisemblablement aux résidus 2 à 14 de la protéine : ADNGTITVEELKQ, SEQ ID NO : 69. En effet, la méthionine N-terminale de M est très probablement clivée du polypeptide mature car le résidu en position 2 est une Alanine (Varshavsky, 1996, 93:12142-12149).

Par ailleurs, l'analyse de l'hydrophobicité (Kyte & Doolittle, Hopp & Woods) de la protéine E met en évidence que l'extrémité C-terminale de l'endodomaine de E est hydrophile et donc vraisemblablement exposée à la surface de ce domaine. Ainsi, un peptide synthétique correspondant à cette extrémité est un bon candidat immunogène pour induire chez l'animal des anticorps dirigés contre l'endodomaine de E. En conséquence, un peptide correspondant aux 24 résidus C-terminaux de E a été synthétisé.

2) Préparation d'anticorps dirigés contre l'ectodomaine des protéines M et E et l'endodomaine de la protéine E

Les peptides M2-14 (ADNGTITVEELKQ, SEQ ID NO : 69), E1-12 (MYSFVSEETGTL, SEQ ID NO : 70) et E53-76 (KPTVYVYSRV KNLNSSEGV DLLV, SEQ ID NO : 71) ont été synthétisés par Neosystem. Ils ont été couplés à la KLH (*Keyhole Limpet Hemocyanin*) à l'aide du MBS (m-maleimido-benzoyl-N-hydroxysuccinimide ester) via une cystéine ajoutée au cours de la synthèse soit en N-terminal du peptide (cas de E53-76) soit en C-terminal (cas de M2-14 et E1-12).

Deux lapins ont été immunisés avec chacun des conjugués, en suivant le protocole d'immunisation suivant : après une première injection de 0,5 mg de peptide couplé à la KLH et émulsionné en adjuvant complet de Freund (voie intradermique), les animaux reçoivent 2 à 4 injections de rappel à 3 ou 4 semaines d'intervalle de 0,25 mg de peptide couplé à la KLH et émulsionné en adjuvant incomplet de Freund.

Pour chaque lapin, un sérum pré-immun (p.i.) a été préparé avant la première immunisation et un immun-sérum (I.S.) est préparé 3 à 5 semaines après les injections de rappel.

La réactivité des sérums est analysée dans un premier temps par test ELISA vis à vis du peptide utilisé pour l'immunisation, puis par immunoempreinte vis-à-vis de lysats de cellules infectées par le SARS-CoV, comme décrit pour les sérums anti-N et anti-S de l'exemple 4, selon des protocoles similaires à ceux décrits aux exemples 3 et 6, respectivement pour l'immunoempreinte et le test ELISA.

Dans un second temps, la réactivité des immunosérums dirigés contre les peptides M2-14 et E1-12 à reconnaître les ectodomains de M et de E présents à la surface de la particule virale native est analysée par des tests d'immunocapture et/ou d'immunoprécipitation de virions natifs.

Exemple 6 : Analyse de la réactivité en ELISA de la protéine N recombinante, vis-à-vis de sérums de patients atteints de SRAS

1) Matériel

L'antigène utilisé pour préparer les phases solides est la nucléoprotéine N recombinante purifiée préparée selon le protocole décrit à l'exemple 2.

Les sérums à tester (Tableau IV) ont été choisis sur la base des résultats d'analyse de leur réactivité par immunofluorescence (titre IF-SRAS), vis-à-vis de lysats de cellules infectées par le SARS-CoV.

Tableau IV: Sérums testés en ELISA

Référence	N° sérum	Type de sérum	Date du Sérum***	Titre IF-SRAS
3050	A	Témoin	na*	nt**
3048	B	Témoin	na	nt
033168	D	Patient 1- SRAS	27/04/03 (J38)	320
033397	E	Patient-1 SRAS	11/05/03 (J52)	320
032632	F	Patient-2 SRAS	21/03/03 (J17)	2500
032791	G	Patient-3 SRAS	04/04/03 (J3)	<40
033258	H	Patient-3 SRAS	28/04/03 (J27)	160

*na : non-applicable. ** nt : non-testé. *** les dates indiquées correspondent au nombre de jours après le début des symptômes de SRAS.

5

2) Méthode

La protéine N (100 µl) diluée à différentes concentrations dans du tampon carbonate 0,1 M, pH 9,6 (1, 2 ou 4 µg/ml) est distribuée dans les puits de plaques ELISA, puis les plaques sont incubées une nuit à température du laboratoire.

- 10 Les plaques sont lavées avec du tampon PBS-Tween, saturées avec du tampon PBS-lait écrémé-saccharose (5 %). Les sérums à tester (100 µl) préalablement dilués (1/50, 1/100, 1/200, 1/400, 1/800, 1/1600 et 1/3200) sont ajoutés, puis les plaques sont incubées 1 h à 37° C. Après 3 lavages, le conjugué anti-IgG humaines marqué à la peroxydase (référence 209-035-098, JACKSON) dilué au 1/18000 est ajouté puis les plaques
- 15 sont incubées 1h à 37 °C. Après 4 lavages, le chromogène (TMB) et le substrat (H₂O₂) sont ajoutés et les plaques sont incubées 30min à température ambiante, à l'abri de la lumière. La réaction est ensuite arrêtée puis l'absorbance à 450 nm est mesurée à l'aide d'un lecteur automatique.

3) Résultats

- 20 Les tests ELISA (figure 10) démontrent que la préparation de protéine N recombinante est reconnue spécifiquement par les anticorps de sérums de patients atteints de SRAS prélevés en phase tardive de l'infection (≥ 17 jours après le début des symptômes) alors qu'elle n'est pas reconnue de façon significative par les anticorps d'un sérum de patient prélevé en phase précoce de l'infection (3 jours après
- 25 le début des symptômes) ni par des sérums témoins de sujets non atteints de SRAS.

Exemple 7 : Détection du coronavirus associé au SRAS (SARS-CoV) par RT-PCR en temps réel à l'aide d'amorces spécifiques du gène de la nucléoprotéine

1) Mise au point des conditions de la RT-PCR

a) conception des amorces et des sondes

5 La conception des amorces et sondes a été réalisée à partir de la séquence du génome de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le numéro 031589, à l'aide du programme "Light Cycler Probe Design (Roche)". Ainsi les deux séries d'amorces et de sondes suivantes ont été sélectionnées :

- série 1 (SEQ ID NO : 60, 61, 64, 65):

- 10 - amorce sens : N/+28507 : 5'-GGC ATC GTA TGG GTT G-3' [28507-28522]
 - amorce antisens : N/-28774 : 5'-CAG TTT CAC CAC CTC C-3' [28774-28759]
 - sonde 1 : 5'-GGC ACC CGC AAT CCT AAT AAC AAT GC-fluorescéine 3' [28561-28586]
 - sonde 2 : 5' Red705 -GCC ACC GTG CTA CAA CTT CCT-phosphate [28588-28608]

15 **- série 2 (SEQ ID NO : 62, 63, 66, 67)**

- amorce sens : N/+28375 : 5'-GGC TAC TAC CGA AGA G-3' [28375-28390]
 - amorce antisens : N/-28702 : 5'-AAT TAC CGC GAC TAC G-3' [28702-28687]
 - sonde 1 : SRAS/N/FL : 5'-ATA CAC CCA AAG ACC ACA TTG GC - fluorescéine 3' [28541-28563]
 20 - sonde 2 : SRAS/N/LC705 : 5' Red705 -CCC GCA ATC CTA ATA ACA ATG CTG C-phosphate 3' [28565-28589]

b) analyse de l'efficacité des deux couples amorces

25 Afin de tester l'efficacité respective des deux couples d'amorces, une amplification par RT-PCR a été réalisée sur un ARN synthétique correspondant aux nucléotides 28054-29430 du génome de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le numéro 031589 et contenant la séquence du gène N.

De manière plus précise :

30 Cet ARN synthétique a été préparé par transcription *in vitro* à l'aide de l'ARN polymérase du phage T7, d'une matrice d'ADN obtenu par linéarisation du plasmide SRAS-N avec l'enzyme *Bam HI*. Après élimination de la matrice d'ADN par digestion à l'aide de DNase 1, les ARN synthétiques sont purifiés par une extraction au phénol-chloroforme suivie de deux précipitations successives en acétate d'ammonium et isopropanol. Ils sont alors quantifiés par mesure de l'absorbance à 260

nm et leur qualité est contrôlée par le rapport des absorbances à 260 et 280 nm ainsi que par une électrophorèse en gel d'agarose. Ainsi, la concentration de la préparation d'ARN synthétique utilisée pour ces études est de 1,6 mg/ml, ce qui correspond à $2,1.10^{15}$ copies/ml d'ARN.

5 Des quantités décroissantes d'ARN synthétique ont été amplifiées par RT-PCR à l'aide du kit "Superscript™ One-Step RT-PCR with Platinum® Taq" et les couples d'amorces n° 1 (N/+28507, N/-28774) (figure 1A) et n° 2 (N/+28375, N/-28702) (figure 1B), en suivant les indications du fournisseur. Les conditions d'amplification utilisées sont les suivantes : l'ADNc a été synthétisé par incubation 30 min à 10 45 °C, 15 min à 55°C puis 2 min à 94 °C puis il a été amplifié par 5 cycles comprenant : une étape de dénaturation à 94°C pendant 15 sec, une étape d'hybridation à 45°C pendant 30 sec puis une étape d'élongation à 72°C pendant 30 sec, suivis de 35 cycles comprenant : une étape de dénaturation à 94°C pendant 15 sec, une étape d'hybridation à 55°C pendant 30 sec puis une étape d'élongation à 72°C pendant 30 15 sec, avec 2 sec d'élongation supplémentaire à chaque cycle, et d'une étape finale d'élongation à 72°C pendant 5 min. Les produits d'amplification obtenus ont ensuite été maintenus à 10°C.

Les résultats présentés à la figure 11 montrent que le couple d'amorces n° 2 (N/+28375, N/-28702) permet de détecter jusqu'à 10 copies d'ARN 20 (bande de faible intensité) ou 10^2 copies (bande de bonne intensité) contre 10^4 copies pour le couple d'amorces n° 1 (N/+28507, N/-28774). Les amplicons sont respectivement de 268 pb (couple 1) et de 328 pb (couple 2).

c) mise au point de la RT-PCR en temps réel

25 Une RT-PCR en temps réel a été mise au point à l'aide du couple d'amorces n°2 et du couple de sonde constitué par SRAS/N/FL et SRAS/N/LC705 (figure 2).

L'amplification a été réalisée sur un LightCycler™ (Roche) à l'aide du kit "Light Cycler RNA Amplification Kit Hybridization Probes " (référence 2 015 145, Roche) dans les conditions optimisées suivantes. Un Mélange réactionnel contenant : H₂O (6,8 µl), MgCl₂ 25 mM (0,8 µl, 4 µM final de Mg²⁺), mélange réactionnel 30 5X (4 µl), sonde SRAS/N/FL 3µM (0,5 µl, 0,075 µM final), sonde SRAS/N/LC705 3

μM (0,5 μl , 0,075 μM final), amorce N+/28375 10 μM (1 μl , 0,5 μM final), amorce N-/28702 10 μM (1 μl , 0,5 μM final), mélange d'enzyme (0,4 μl) et échantillon (ARN viral, 5 μl) a été amplifié en suivant le programme suivant :

- Transcription inverse : 50°C 10:00min analysis mode: none
- 5 - Dénaturation : 95°C 30sec x1 analysis mode: none
- Amplification : 95°C 2sec ►
- 50°C 15sec analysis mode: quantification* ► x45
- 72°C 13sec rampe thermique 2,0°C/sec ►
- refroidissement : 40°C 30sec x1 analysis mode: none
- 10 *La mesure de fluorescence se fait à la fin de l'hybridation et à chaque cycle (en mode SINGLE).

Les résultats présentés à la figure 12 montrent que cette RT-PCR en temps réel est très sensible puisqu'elle permet de détecter 10^2 copies d'ARN synthétique dans 100% des 5 échantillons analysés (29/29 échantillons dans 8 expériences) et jusqu'à 10 copies d'ARN dans 100% des 5 échantillons analysés (40/45 échantillons dans 8 expériences). Elle montre également que cette RT-PCR permet de détecter la présence du génome du SARS-CoV dans un échantillon et de quantifier le nombre de génomes présents. A titre d'exemple, l'ARN viral d'un stock de SARS-CoV cultivé sur cellules Vero E6 a été extrait à l'aide du kit "Qiampr viral RNA extraction" (Qiagen), dilué à $0,05 \cdot 10^{-4}$ et analysé par RT-PCR en temps réel selon le protocole décrit ci-dessus; l'analyse présentée à la figure 12 montre que ce stock de virus contient $6,5 \cdot 10^9$ génomes —équivalents/ml (geq/ml), ce qui est tout à fait similaire à la valeur de $1,0 \cdot 10^{10}$ geq/ml mesurée à l'aide du kit "RealArt™ HPA-Coronavirus LC RT PCR Reagents" commercialisé par Artus.

25 d) détection de l'ARN du SARS-CoV par PCR en temps réel à partir de prélèvements respiratoires

Une étude comparative a été réalisée sur une série de prélèvements respiratoires reçus par le Centre National de Référence du Virus Influenzae (région nord) et susceptibles de contenir du SARS-CoV. Pour ce faire, l'ARN a été extrait des
30 prélèvements à l'aide du kit "Qiampr viral RNA extraction" (Qiagen) et analysé par RT-PCR en temps réel, d'une part à l'aide des couples d'amorces et de sondes de la

série n° 2 dans les conditions décrites ci-dessus d'une part, et d'autre part à l'aide du kit "LightCycler SARS-CoV quantification kit" commercialisé par Roche (référence 03 604 438). Les résultats sont résumés dans le Tableau ci-dessous. Ils montrent que 18 des 26 prélèvements sont négatifs et 5 des 26 prélèvements sont positifs pour les deux kits, tandis qu'un prélèvement est positif pour le seul kit Roche et deux pour les seuls réactifs N"série2". En outre, pour 3 prélèvements (20032701, 20032712, 20032714) les quantités d'ARN détectés sont nettement supérieures avec les réactifs (sondes et amorces) de la série n°2. Ces résultats indiquent que les amorces et sondes N"série2" sont plus sensibles pour la détection du génome du SARS-CoV dans des prélèvements biologiques que celles du kit actuellement disponible.

Tableau V: Analyse par RT-PCR en temps réel des ARN extraits d'une série de prélèvements de 5 patients à l'aide des couples d'amorces et de sondes de la série n° 2 (N "série 2") ou du kit "LightCycler SARS-CoV quantification kit" (Roche). Le type de prélèvement est indiqué ainsi que le nombre de copies de génome viral mesurées dans chacun des deux tests. NEG : RT-PCR négative.

Prélèvements n°	Patient	Type de prélèvement	KIT ROCHE	N "série2"
20033082	K	nasal	NEG	NEG
20033083	K	pharyngé	NEG	NEG
20033086	K	nasal	NEG	NEG
20033087	K	pharyngé	NEG	NEG
20032802	M	nasal	NEG	NEG
20032803	M	expectoration	NEG	NEG
20032806	M	nasal ou pharyngé	NEG	NEG
20031746ARN2	C	pharyngé	NEG	NEG
20032711	C	nasal ou pharyngé	39	NEG
20032910	B	nasal	NEG	NEG
20032911	B	pharyngé	NEG	NEG
20033356	V	expectoration	NEG	NEG
20033357	V	expectoration	NEG	NEG
20031725	K	asp. endotrachéale	NEG	150
20032657	K	asp. endotrachéale	NEG	NEG
20032698	K	asp. endotrachéale	NEG	NEG
20032720	K	asp. endotrachéale	3	5
20033074	K	selles	115	257
20032701	M	pharyngé	443	1676
20032702	M	expectoration	NEG	249
20031747ARN2	C	pharyngé	NEG	NEG
20032712	C	inconnu	634	6914
20032714	C	pharyngé	17	223
20032800	B	nasal	NEG	NEG
20033353	V	nasal	NEG	NEG
20033384	V	nasal	NEG	NEG

REVENDICATIONS

1°) Utilisation d'un produit sélectionné dans le groupe constitué par :

a) une protéine ou un peptide codé par le polynucléotide de séquence

SEQ ID NO : 1,

b) un anticorps ou un fragment d'anticorps monoclonal ou polyclonal dirigé contre ladite protéine ou ledit peptide en a), et

c) une puce ou un filtre à protéine ou à peptide comprenant la protéine ou le peptide en a) ou bien l'anticorps ou le fragment d'anticorps en b), pour la préparation d'un réactif de détection et éventuellement de sérotypage, d'un

coronavirus associé au SRAS.

2°) Utilisation selon la revendication 1, caractérisée en ce que ladite protéine est sélectionnée dans le groupe constitué par :

- la protéine S de séquence SEQ ID NO : 3 ,

- la protéine E de séquence SEQ ID NO : 14,

- la protéine M de séquence SEQ ID NO : 17,

- la protéine N de séquence SEQ ID NO : 37, et

- les protéines codées par les ORF : ORF1a, ORF1b, ORF3, ORF4 et ORF7 à ORF11, ORF13 et ORF14 de séquence respectivement, SEQ ID NO : 74, 75, 10, 12, 22, 24, 26, 28, 30, 33 et 35 .

3°) Utilisation selon la revendication 1, caractérisée en ce que ledit peptide est sélectionné dans le groupe constitué par :

a) les peptides correspondant aux positions 14 à 1193 et 475 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S,

b) les peptides correspondant aux positions 2 à 14 (SEQ ID NO : 69) et 100 à 221 de la séquence en acides aminés de la protéine M ; et

c) les peptides correspondant aux positions 1 à 12 (SEQ ID NO : 70) et 53 à 76 (SEQ ID NO : 71) de la séquence en acides aminés de la protéine E ; et

les peptides de 5 à 50 acides aminés consécutifs, de préférence de 10 à 30 acides aminés, inclus ou chevauchant partiellement ou totalement la séquence des peptides

tels que définis en a), b) ou c).

REVENDEICATIONS

1°) Utilisation d'un produit sélectionné dans le groupe constitué par :

a) une protéine ou un peptide codé par le polynucléotide de séquence
SEQ ID NO : 1,

5 b) un anticorps ou un fragment d'anticorps monoclonal ou polyclonal dirigé contre ladite protéine ou ledit peptide en a), et

c) une puce ou un filtre à protéine ou à peptide comprenant la protéine ou le peptide en a) ou bien l'anticorps ou le fragment d'anticorps en b), pour la préparation d'un réactif de détection et éventuellement de sérotypage, d'un
10 coronavirus associé au SRAS.

2°) Utilisation selon la revendication 1, caractérisée en ce que ladite protéine est sélectionnée dans le groupe constitué par :

- la protéine S de séquence SEQ ID NO : 3 ,
- la protéine E de séquence SEQ ID NO : 14,
- 15 - la protéine M de séquence SEQ ID NO : 17,
- la protéine N de séquence SEQ ID NO : 37, et
- les protéines codées par les ORF : ORF1a, ORF1b, ORF3, ORF4 et ORF7 à ORF11, ORF13 et ORF14 de séquence respectivement, SEQ ID NO : 74, 75, 10, 12, 22, 24, 26, 28, 30, 33 et 35 .

20 3°) Utilisation selon la revendication 1, caractérisée en ce que ledit peptide est sélectionné dans le groupe constitué par :

- a) les peptides correspondant aux positions 14 à 1193 et 475 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S,
- b) les peptides correspondant aux positions 2 à 14 (SEQ ID NO : 69)
25 et 100 à 221 de la séquence en acides aminés de la protéine M ; et
- c) les peptides correspondant aux positions 1 à 12 (SEQ ID NO : 70) et 53 à 76 (SEQ ID NO : 71) de la séquence en acides aminés de la protéine E ; et les peptides de 5 à 50 acides aminés consécutifs, de préférence de 10 à 30 acides aminés, inclus ou chevauchant partiellement ou totalement la séquence des peptides
30 tels que définis en a), b) ou c).

4°) Utilisation selon la revendication 1, caractérisée en ce que ledit peptide est constitué de 7 à 50 acides aminés consécutifs codés par le polynucléotide

4°) Utilisation selon la revendication 1, caractérisée en ce que ledit peptide présente une séquence de 7 à 50 incluant un résidu d'acide aminé sélectionné dans le groupe constitué par :

- l'alanine située en position 2552 de la séquence en acides aminés de la protéine codée par l'ORF1a de la souche isolée de coronavirus telle que définie à la revendication 1 ou à la revendication 2,
- la sérine située en position 577 de la séquence en acides aminés de la protéine S de la souche isolée de coronavirus telle que définie à la revendication 1 ou à la revendication 2,
- la glycine en position 11 de la séquence en acides aminés de l'ORF3 de la souche isolée de coronavirus telle que définie à la revendication 1 ou à la revendication 2, et
- la sérine en position 154 de la séquence en acides aminés de la protéine M de la souche isolée de coronavirus telle que définie à la revendication 1 ou à la revendication 2.

5°) Méthode de détection d'un coronavirus associé au SRAS, à partir d'un échantillon biologique, laquelle méthode est caractérisée en ce qu'elle comprend au moins :

- (a) la mise en contact dudit échantillon biologique avec au moins un anticorps ou un fragment d'anticorps, une protéine, un peptide ou bien une puce ou un filtre à protéine ou à peptide tels que définis à l'une quelconque des revendications 1 à 4, et
- (b) la révélation par tout moyen approprié des complexes antigène-anticorps formés en (a).

6°) Méthode selon la revendication 5, caractérisée en ce que l'étape (a) comprend :

- (a₁) la mise en contact dudit échantillon biologique avec au moins un premier anticorps ou fragment d'anticorps qui est fixé sur un support approprié, notamment une microplaque ,
- (a₂) le lavage de la phase solide, et

de séquence SEQ ID NO : 1, lequel peptide est sélectionné dans le groupe constitué par :

- un peptide comprenant l'alanine située en position 2552 de la séquence en acides aminés de la protéine codée par l'ORF1a,
- 5 - un peptide comprenant la sérine située en position 577 de la séquence en acides aminés de la protéine S,
- un peptide comprenant la glycine en position 11 de la séquence en acides aminés de la protéine codée par l'ORF3, et
- un peptide comprenant la sérine en position 154 de la séquence en
- 10 acides aminés de la protéine M.

5°) Méthode de détection d'un coronavirus associé au SRAS, à partir d'un échantillon biologique, laquelle méthode est caractérisée en ce qu'elle comprend au moins :

(a) la mise en contact dudit échantillon biologique avec au moins un

15 anticorps ou un fragment d'anticorps, une protéine, un peptide ou bien une puce ou un filtre à protéine ou à peptide tels que définis à l'une quelconque des revendications 1 à 4, et

(b) la révélation par tout moyen approprié des complexes antigène-anticorps formés en (a).

20 6°) Méthode selon la revendication 5, caractérisée en ce que l'étape (a) comprend :

(a₁) la mise en contact dudit échantillon biologique avec au moins un premier anticorps ou fragment d'anticorps qui est fixé sur un support approprié, notamment une microplaque ,

25 (a₂) le lavage de la phase solide, et

(a₃) l'addition d'au moins un second anticorps ou fragment d'anticorps, différent du premier, ledit anticorps ou fragment d'anticorps étant éventuellement marqué de façon appropriée.

7°) Kit ou coffret de détection d'un coronavirus associé au SRAS,

30 caractérisé en ce qu'il comprend au moins un réactif sélectionné dans le groupe constitué par : une protéine ou un peptide, un anticorps ou un fragment d'anticorps et

(a₃) l'addition d'au moins un second anticorps ou fragment d'anticorps, différent du premier, ledit anticorps ou fragment d'anticorps étant éventuellement marqué de façon appropriée.

7°) Kit ou coffret de détection d'un coronavirus associé au SRAS, caractérisé en ce qu'il comprend au moins un réactif sélectionné dans le groupe constitué par : une protéine ou un peptide, un anticorps ou un fragment d'anticorps et une puce ou un filtre à protéine ou à peptide tels que définis à l'une quelconque des revendications 1 à 4.

8°) Composition immunogène, caractérisée en ce qu'elle comprend au moins un produit sélectionné dans le groupe constitué par :

- a) une protéine ou un peptide tels que définis à la revendication 1,
- b) un polynucléotide de type ADN ou ARN ou l'un de ses fragments

représentatifs tels que définis ci-dessus, de séquence choisie parmi :

(i) la séquence SEQ ID NO : 1 ou son équivalent ARN
 (ii) la séquence hybridant dans des conditions de forte stringence avec la séquence SEQ ID NO : 1,

(iii) la séquence complémentaire de la séquence SEQ ID NO : 1 ou de la séquence hybridant dans des conditions de forte stringence avec la séquence SEQ ID NO : 1,

(iv) la séquence nucléotidique d'un fragment représentatif du polynucléotide tel que défini en (i), (ii) ou (iii),

(v) la séquence telle que définie en (i), (ii), (iii) ou (iv), modifiée, et

c) un vecteur d'expression recombinant comprenant un polynucléotide tel que défini en b), et

d) une banque d'ADNc telle que définie ci-dessus.

9°) Utilisation d'une protéine ou d'un peptide isolé ou purifié présentant une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 3, 10, 12, 14, 17, 22, 24, 26, 28, 30, 33, 35, 37, 69, 70, 71, 74 et 75 pour former un complexe immun avec un anticorps dirigé spécifiquement contre un épitope du coronavirus associé au SRAS.

10°) Complexe immun formé d'une protéine ou d'un peptide isolé ou purifié présentant une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les

une puce ou un filtre à protéine ou à peptide tels que définis à l'une quelconque des revendications 1 à 4.

8°) Composition immunogène, caractérisée en ce qu'elle comprend au moins un produit sélectionné dans le groupe constitué par :

- 5 a) une protéine ou un peptide tels que définis à la revendication 1,
b) un polynucléotide de type ADN ou ARN ou l'un de ses fragments représentatifs, de séquence choisie parmi :

(i) la séquence SEQ ID NO : 1 ou son équivalent ARN

10 (ii) la séquence hybridant dans des conditions de forte stringence avec la séquence SEQ ID NO : 1,

(iii) la séquence complémentaire de la séquence SEQ ID NO : 1 ou de la séquence hybridant dans des conditions de forte stringence avec la séquence SEQ ID NO : 1,

15 (iv) la séquence nucléotidique d'un fragment représentatif du polynucléotide tel que défini en (i), (ii) ou (iii),

(v) la séquence telle que définie en (i), (ii), (iii) ou (iv), modifiée, et

c) un vecteur d'expression recombinant comprenant un polynucléotide tel que défini en b), et

d) une banque d'ADNc telle que définie ci-dessus.

20 9°) Utilisation d'une protéine ou d'un peptide isolé ou purifié présentant une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 3, 10, 12, 14, 17, 22, 24, 26, 28, 30, 33, 35, 37, 69, 70, 71, 74 et 75, *in vitro*, pour former un complexe immun avec un anticorps dirigé spécifiquement contre un épitope du coronavirus associé au SRAS.

25 10°) Complexe immun formé d'une protéine ou d'un peptide isolé ou purifié présentant une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 3, 10, 12, 14, 17, 22, 24, 26, 28, 30, 33, 35, 37, 69, 70, 71, 74 et 75, et d'un anticorps dirigé spécifiquement contre un épitope du coronavirus associé au SRAS.

30 11°) Utilisation d'une protéine ou d'un peptide isolé ou purifié présentant une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 3, 10, 12, 14, 17, 22, 24, 26, 28, 30, 33, 35, 37, 69, 70, 71, 74 et 75, pour la

une puce ou un filtre à protéine ou à peptide tels que définis à l'une quelconque des revendications 1 à 4.

8°) Composition immunogène, caractérisée en ce qu'elle comprend au moins un produit sélectionné dans le groupe constitué par :

- 5 a) une protéine ou un peptide tels que définis à la revendication 1,
- b) un polynucléotide de type ADN ou ARN ou l'un de ses fragments représentatifs, de séquence choisie parmi :
 - (i) la séquence SEQ ID NO : 1 ou son équivalent ARN
 - (ii) la séquence hybridant dans des conditions de forte stringence avec la
 - 10 séquence SEQ ID NO : 1,
 - (iii) la séquence complémentaire de la séquence SEQ ID NO : 1 ou de la séquence hybridant dans des conditions de forte stringence avec la séquence SEQ ID NO : 1,
 - (iv) la séquence nucléotidique d'un fragment représentatif du poly-
 - 15 nucléotide tel que défini en (i), (ii) ou (iii),
 - (v) la séquence telle que définie en (i), (ii), (iii) ou (iv), modifiée, et
 - c) un vecteur d'expression recombinant comprenant un polynucléotide tel que défini en b), et
 - d) une banque d'ADNc comprenant un polynucléotide tel que défini en b).

20 9°) Utilisation d'une protéine ou d'un peptide isolé ou purifié présentant une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 3, 10, 12, 14, 17, 22, 24, 26, 28, 30, 33, 35, 37, 69, 70, 71, 74 et 75, *in vitro*, pour former un complexe immunitaire avec un anticorps dirigé spécifiquement contre un épitope du coronavirus associé au SRAS.

25 10°) Complexe immunitaire formé d'une protéine ou d'un peptide isolé ou purifié présentant une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 3, 10, 12, 14, 17, 22, 24, 26, 28, 30, 33, 35, 37, 69, 70, 71, 74 et 75, et d'un anticorps dirigé spécifiquement contre un épitope du coronavirus associé au SRAS.

30 11°) Utilisation d'une protéine ou d'un peptide isolé ou purifié présentant une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 3, 10, 12, 14, 17, 22, 24, 26, 28, 30, 33, 35, 37, 69, 70, 71, 74 et 75, pour la

séquences SEQ ID NO : 3, 10, 12, 14, 17, 22, 24, 26, 28, 30, 33, 35, 37, 69, 70, 71, 74 et 75, et d'un anticorps dirigé spécifiquement contre un épitope du coronavirus associé au SRAS.

5 11°) Utilisation d'une protéine ou d'un peptide isolé ou purifié présentant une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 3, 10, 12, 14, 17, 22, 24, 26, 28, 30, 33, 35, 37, 69, 70, 71, 74 et 75 pour induire la production d'un anticorps capable de reconnaître spécifiquement un épitope du coronavirus associé au SRAS.

10 12°) Utilisation d'un polynucléotide isolé ou purifié présentant une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 1, 2, 4, 7, 8, 13, 15, 16, 18, 19, 20, 31, 36 et 38 pour induire la production d'un anticorps dirigé contre la protéine codée par ledit polynucléotide et capable de reconnaître spécifiquement un épitope du coronavirus associé au SRAS

préparation d'une composition immunogène apte à induire la production d'un anticorps capable de reconnaître spécifiquement un épitope du coronavirus associé au SRAS.

- 12°) Utilisation d'un polynucléotide isolé ou purifié présentant une
- 5 séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 1, 2, 4, 7, 8, 13, 15, 16, 18, 19, 20, 31, 36 et 38, pour la préparation d'une composition immunogène apte à induire la production d'un anticorps dirigé contre la protéine codée par ledit polynucléotide et capable de reconnaître spécifiquement un épitope du coronavirus associé au SRAS.



Figure 1



Figure 2

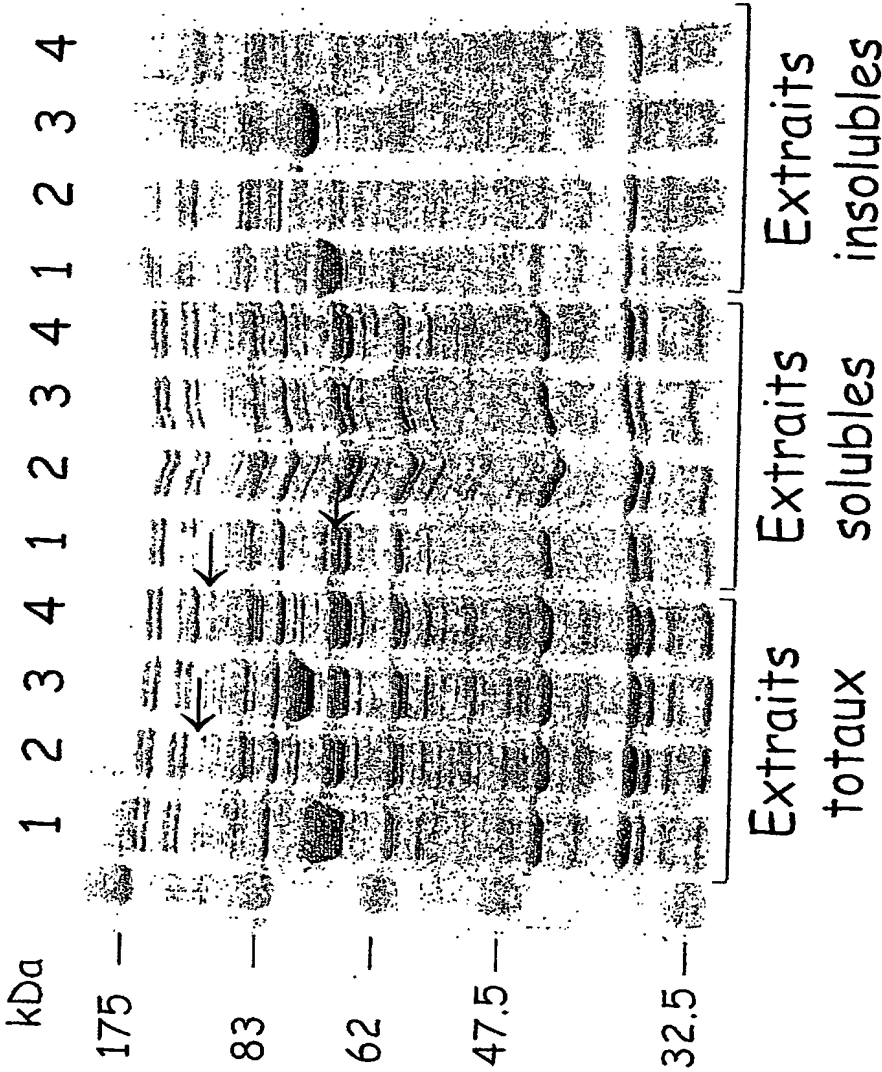


Figure 3

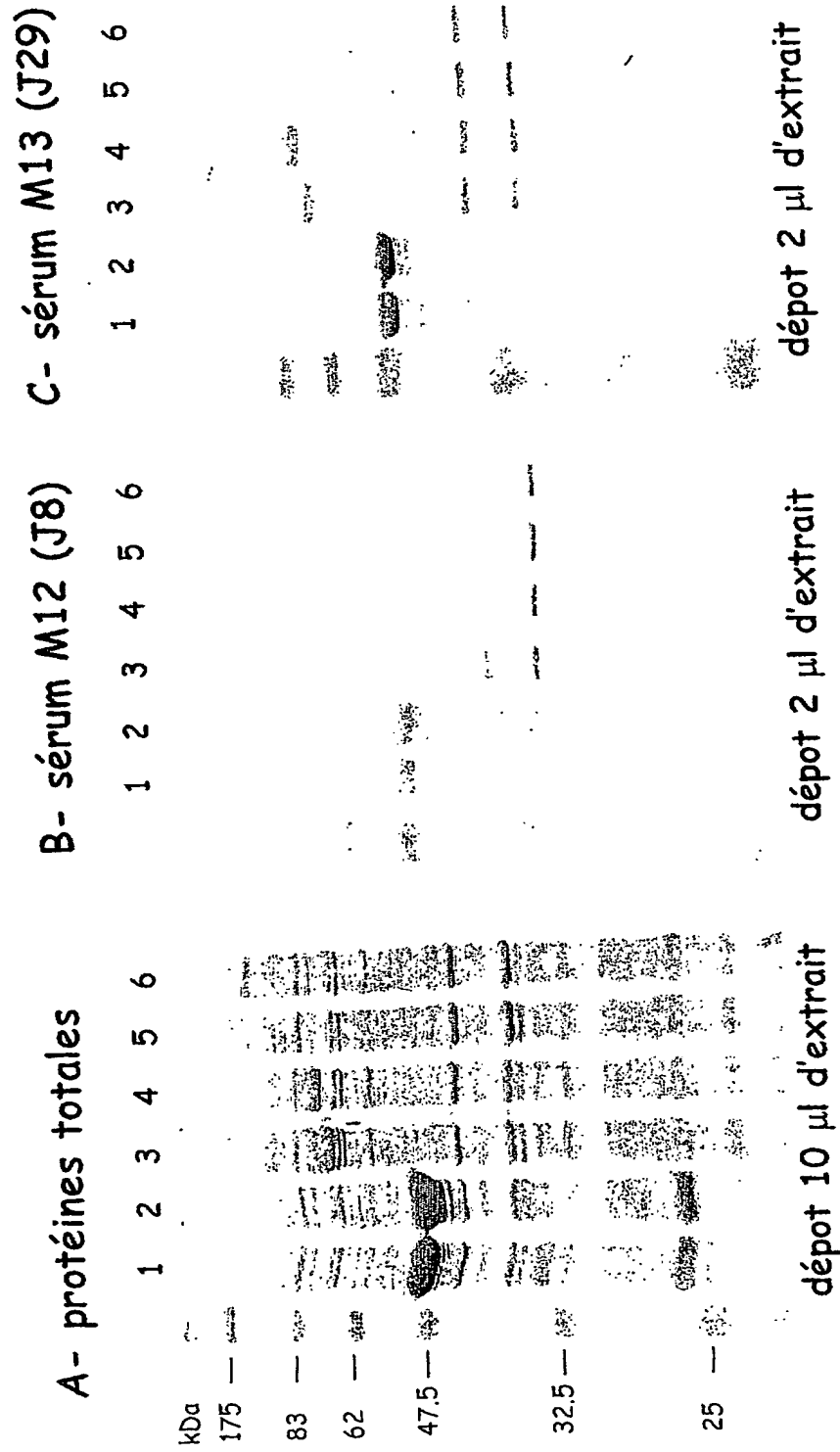


Figure 4

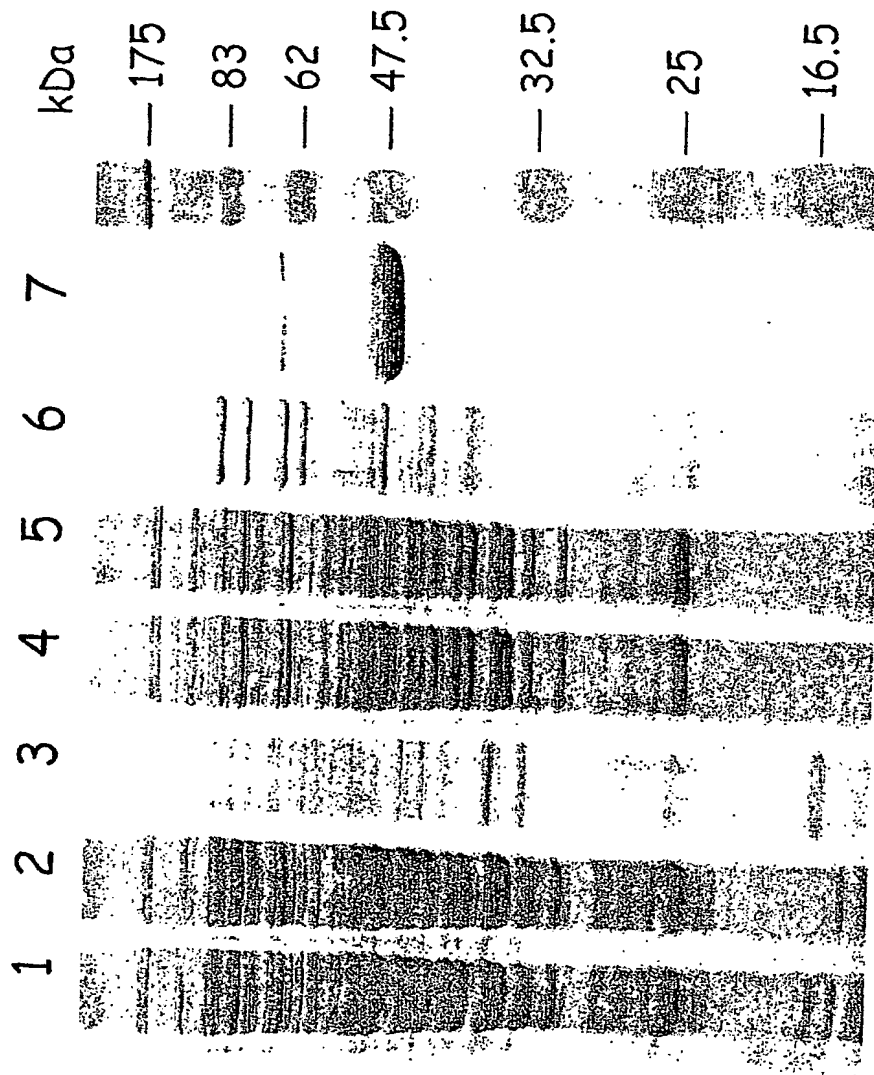


Figure 5

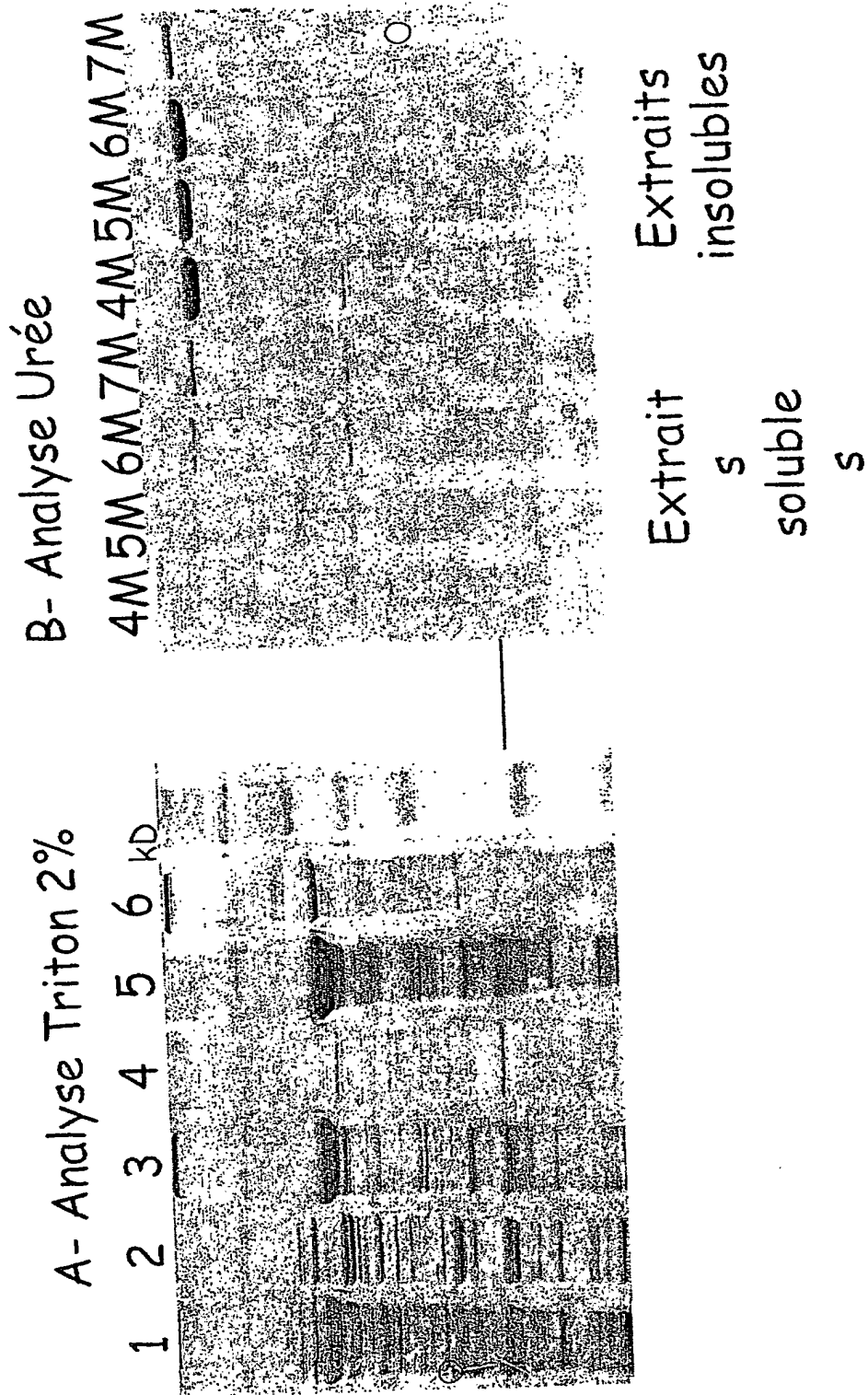


Figure 6

7/83

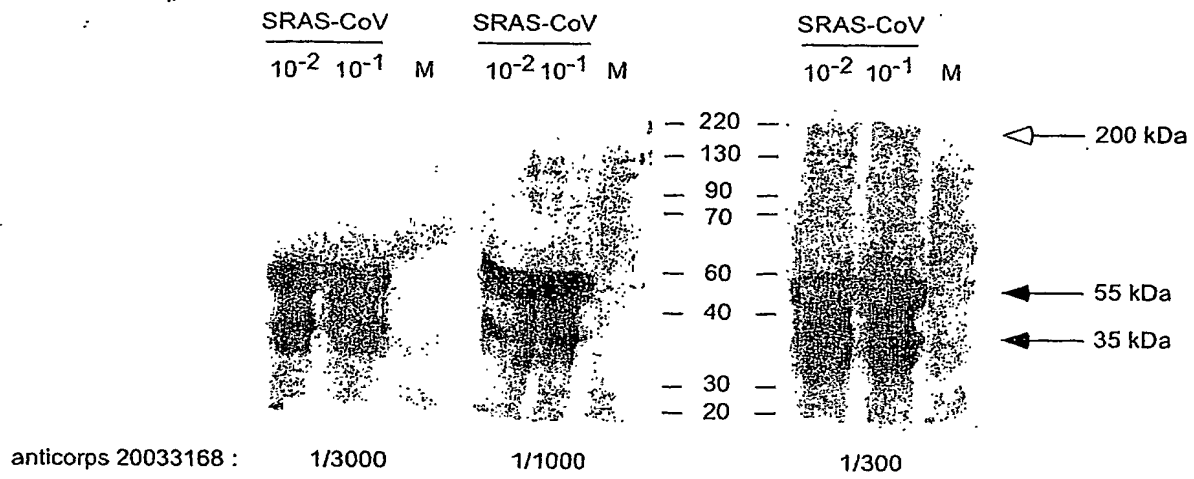


FIGURE 7

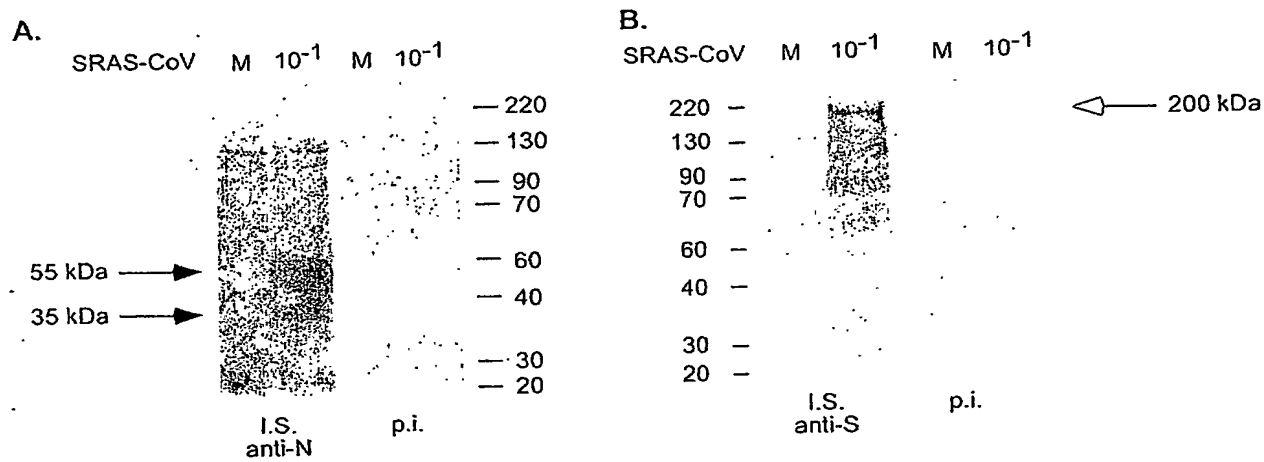
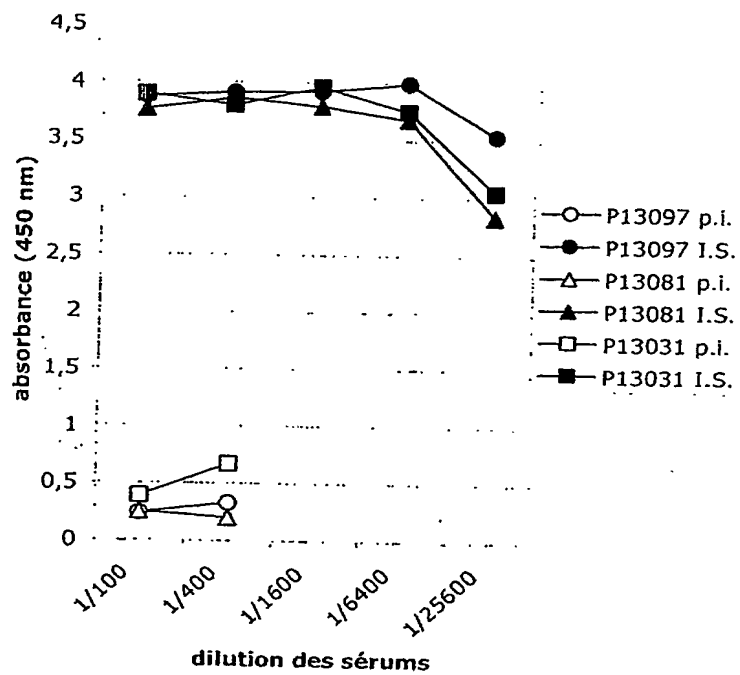


FIGURE 8

9/83

A



B

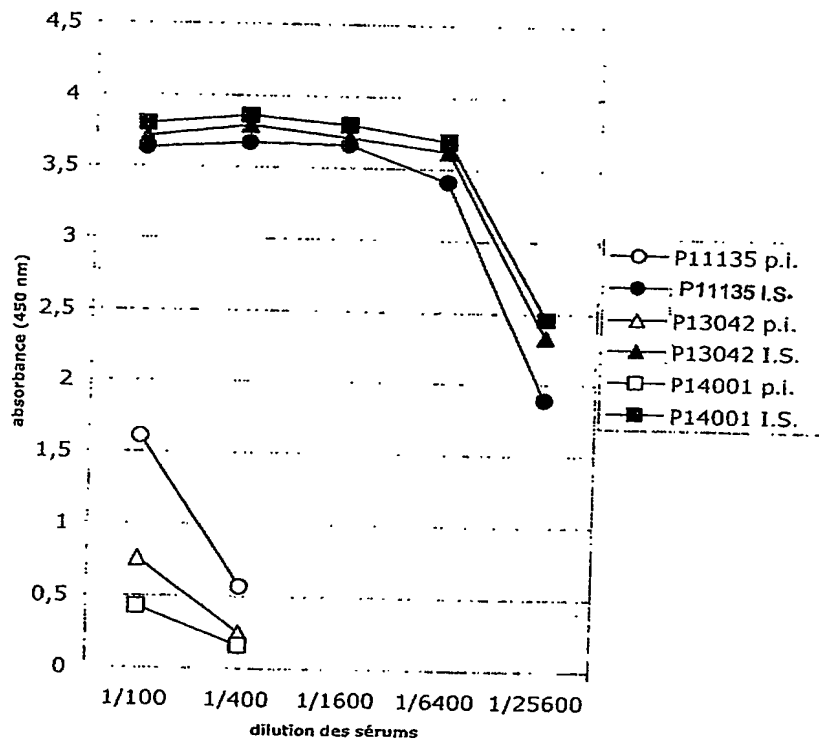
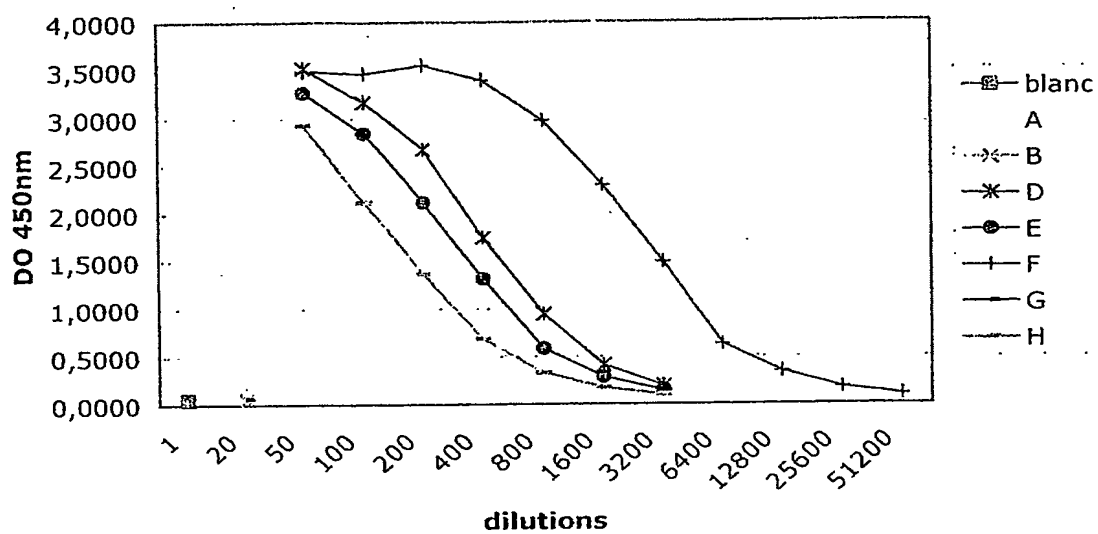


Figure 9

10/83

ELISA-N 4 μ g



ELISA-N 2 μ g

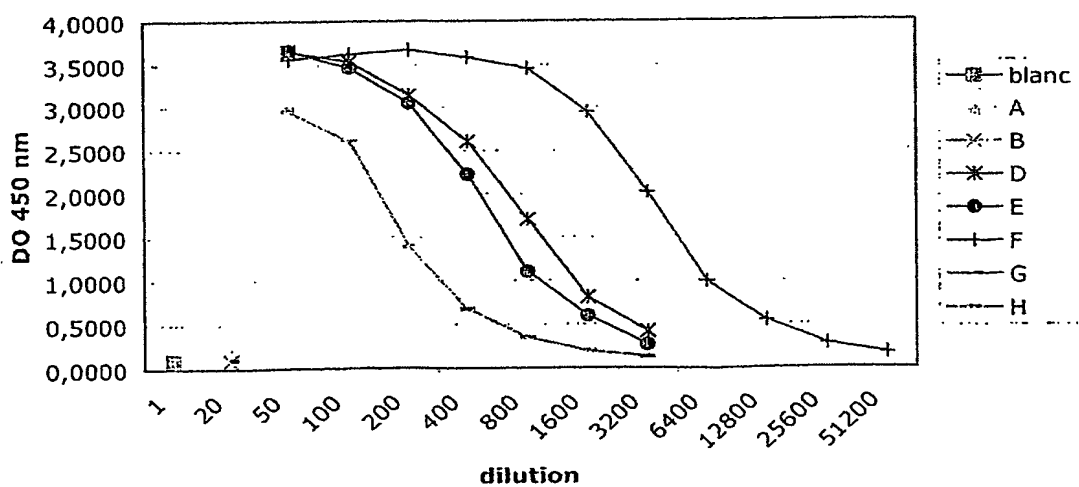
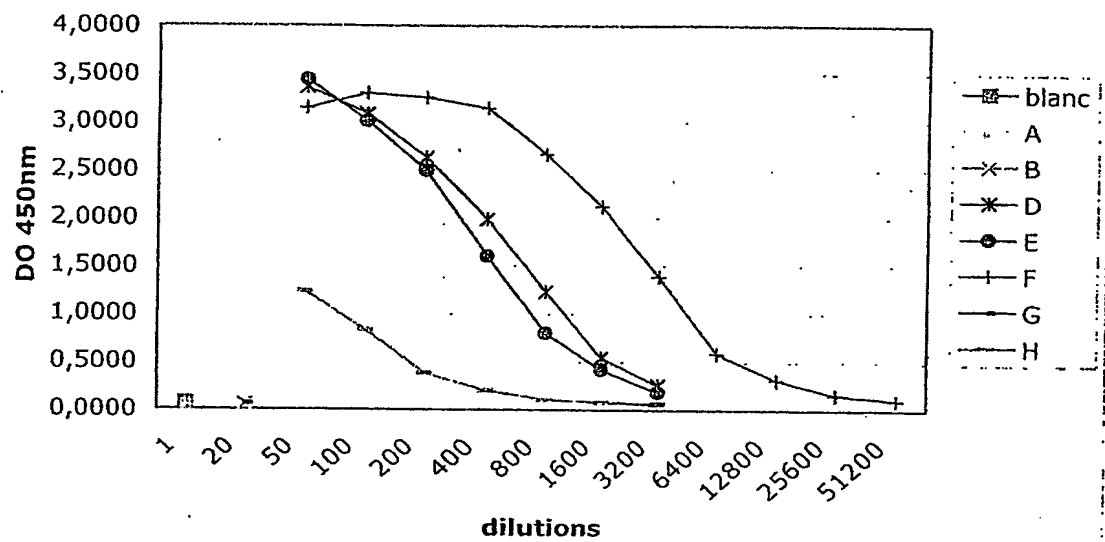


Figure 10a

11/83

ELISA-N 1 µg**Figure 10b**

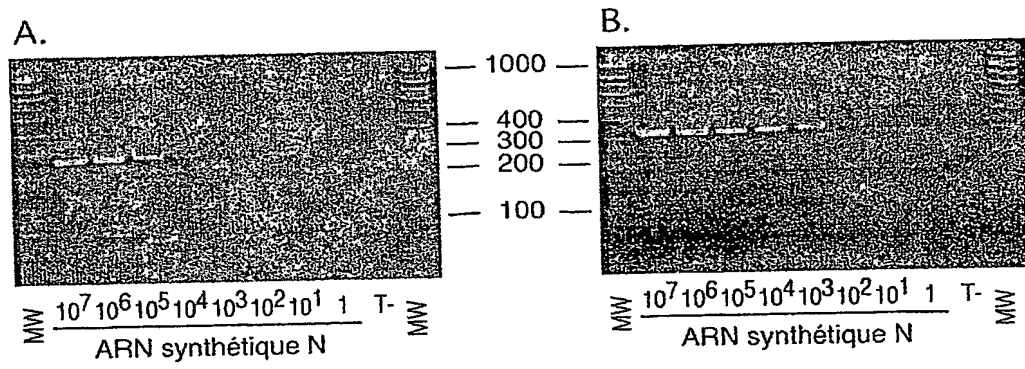


Figure 11



Figure 12

```

ATATTAGGTT TTTACCTACC CAGGAAAAGC CAACCAACCT CGATCTCTTG TAGATCTGTT CTCTAAACGA
10 20 30 40 50 60 70
>< ScrFI >< XhoII
>< MvaI > < TthHB8I >< Sau3AI
>< EcoRII > < TaqI >< NdeII
>< Ecl136I >< Sau3AI >< MflI
>< DsaV >< NdeII >< MboI
>< BstOI >< MboI>< MnlI>< DpnII
>< BstNI >< DpnII >< BstYI
>< BsiLI >< DpnI >< BspAI
>< BsaJI >< BspAI >< Bsp143I
>< ApyI >< Bsp143I>< BglII
ACTTTTAAAT CTGTGTAGCT GTCGCTCGGC TGCATGCCTA GTGCACCTAC GCAGTATAAA CAATAATAAA
80 90 100 110 120 130 140
>< VneI
>< SphI
>< SnoI
>< RmaI
>< PaeI >< SduI
>< NspI >< NspII
>< NspHI >< HgiAI
>< NlaIII >< Bsp1286I
>< MaeI >< BmyI
>< ApaLI
>< Alw44I
>< Tru9I
>< MseI >< BbvI
>< DraI >< AluI > < Fnu4HI >< Alw21I
ACTTTTAAAT CTGTGTAGCT GTCGCTCGGC TGCATGCCTA GTGCACCTAC GCAGTATAAA CAATAATAAA
80 90 100 110 120 130 140
>< SfcI
>< PstI
>< MnlI
>< Ksp632I
>< EarI
>< Eam1104I
>< HindII > < MboII
>< HincII >< MaeIII
TTTTACTGTC GTTGACAAGA AACGAGTAAC TCGTCCCTCT TCTGCAGACT GCTTACGGTT TCGTCCGTGT
150 160 170 180 190 200 210
>< TthHB8I >< StyI
>< TaqI >< RmaI >< ScrFI
>< Sau3AI >< MaeI >< NciI
>< NdeII >< EcoT14I >< MspI
>< MboI >< Eco130I >< MaeIII
>< DpnII >< BssT1I >< HpaII
>< DpnI >< BsaJI >< HapII
>< BspAI >< BlnI >< DsaV
>< Bsp143I >< AvrII >< BcnI
TGCAGTCGAT CATCAGCATA CCTAGGTTTC GTCCGGGTGT GACCGAAAGG TAAGATGGAG AGCCTTGTTT
220 230 240 250 260 270 280
>< RmaI
>< Esp3I >< MaeII
>< HindII >< MaeII> < Eco57I >< BsmAI >< MaeI
>< HincII > < AflIII > < DdeI >< Alw26I >< BsmBI
TTGGTGTCAA CGAGAAAACA CACGTCCAAC TCAGTTTGCC TGTCCTTCAG GTTAGAGACG TGCTAGTGCG
290 300 310 320 330 340 350

```

FIGURE 13.1

15/83

```

>< Sau96I
  >< PssI
    >< Pali
      >< NspIV
        >< MnlI
          >< HaeIII
            >< EcoO109I
              >< DraII>< MboII >< PmlI
                >< MnlI >< Cfr13I >< PmaCI
                  >< Ksp632I >< BsuRI > < MaeII
                    >< HinfI >< BsiZI>< EcoNI >< Eco72I
                      >< EarI >< BshI >< BslI >< BsaAI
                        >< PleI >< Eam1104I>< AsuI >< BsiYI>< BbrPI >< MnlI
TGGCTTCGGG GACTCTGTGG AAGAGGCCCT ATCGGAGGCA CGTGAACACC TCAAAAATGG CACTTGTGGT
  360          370          380          390          400          410          420

          >< RsaI
            >< Csp6I
              >< BspWI
                >< Tru9I
                  >< SfaNI
                    >< MseI
                      > < MaeII
CTAGTAGAGC TGGAAAAGG CGTACTGCCC CAGCTTGAAC AGCCCTATGT GTTCATTAAA CGTTCTGATG
  430          440          450          460          470          480          490

          >< Pali
            >< HaeIII
              >< Tru9I
                >< MseI
                  >< Esp4I
                    >< AflII
                      CCTTAAGCAC CAATCACGGC CACAAGGTCG TTGAGCTGGT TGCAGAAATG GACGGCATTC AGTACGGTCG
                        500          510          520          530          540          550          560

          >< ScaI
            >< RsaI
              > < Csp6I
                >< BsrI
                  >< NspI
                    >< NspHI
                      >< NlaIII
                        >< BslI
                          >< BsiYI
                            >< MboII
                              >< MboII
                                >< AciI
                                  TAGCGGTATA AACTGGGAG TACTCGTGCC ACATGTGGGC GAAACCCCAA TTGCATACCG CAATGTTCTT
                                    570          580          590          600          610          620          630

          >< TthHB8I
            >< TaqI
              >< Sau3AI
                >< NdeII
                  >< MboI
                    >< DpnII
                      > < DpnI
                        >< ClaI
                          >< Bsu15I
                            >< BspDI
                              >< BspAI
                                > < Bsp143I
                                  >< Bsp106I
                                    >< BsiXI
                                      >< BscI>< SfaNI DdeI ><
                                        >< BfrI ><
CTTCGTAAGA ACGGTAATAA GGGAGCCGGT GGTCATAGCT ATGGCATCGA TCTAAAGTCT TATGACTTAG
  640          650          660          670          680          690          700

```

```

    >< Sau3AI
    >< NdeII
    >< MboI
    >< HphI
    >< DpnII
    >< BspAI
    >< AlwI>< DpnI
    >< AluI
    >< Bsp143I
    >< MboII
    >< BsrI
    >< DdeI
    >< NlaIII
    >< ApaLI
    >< Alw44I
    GTGACGAGCT TGGCACTGAT CCCATTGAAG ATTATGAACA AAAGTGGAAC ACTAAGCATG GCAGTGGTGC
    710          720          730          740          750          760          770

    >< SstI
    >< SduI
    >< SacI
    >< NspII
    >< MnlI
    >< HgiAI
    >< Eco24I
    >< Ecl136II
    >< Bsp1286I
    >< BmyI
    >< BanII
    >< Alw21I
    >< AluI
    >< MaeIII
    >< AccI
    >< BsgI
    >< AsuI
    >< DraIII
    >< Bsp1286I
    >< BmyI
    >< Alw21I
    ACTCCGTGAA CTCACCTCGTG AGCTCAATGG AGGTGCAGTC ACTCGCTATG TCGACAACAA TTTCTGTGGC
    780          790          800          810          820          830          840

    >< ThaI
    >< ThaI
    >< MvnI
    >< MvnI
    >< HinPII
    >< Hin6I
    >< HhaI
    >< CfoI
    >< BstUI
    >< BstUI
    >< Bsp50I
    >< Bsp50I
    >< AciI
    >< AccII
    >< MnlI
    >< SfaNI
    >< AccII
    >< NlaIII
    >< NlaIII
    >< VneI
    >< SnoI
    >< SduI
    >< NspII
    >< HgiAI
    >< Bsp1286I
    >< BmyI
    >< ApaLI
    >< Alw44I
    >< Alw21I
    CCAGATGGGT ACCCTCTTGA TTGCATCAAA GATTTTCTCG CACGCGCGGG CAAGTCAATG TGCACCTCTT
    850          860          870          880          890          900          910

    >< TthHB8I
    >< TthHB8I
    >< TaqI
    >< TaqI
    >< MnlI
    >< Ksp632I
    >< HinfI>< PleI
    >< Eam1104I
    >< EarI
    >< BbvI>< AccI
    >< Fnu4HI
    >< MboII
    >< MaeIII
    >< EcoRII
    >< DsaV
    CCGAACAACT TGATTACATC GAGTCGAAGA GAGGTGTCTA CTGCTGCCGT GACCATGAGC ATGAAATTGC
    920          930          940          950          960          970          980

    >< TthHB8I
    >< TaqI
    >< SfuI
    >< NspV>< Tru9I
    >< LspI>< MseI
    >< ScrFI
    >< HinPII

```

FIGURE 13.3

17/83

```

>< MvaI      >< Hin6I      >< SduI      >< Csp45I
>< Ecl136I   >< HhaI      >< NspII     >< BstBI
>< BstOI     >< HaeII     >< HgiAI     >< Bsp119I
>< BstNI     >< Eco47III   >< Bsp1286I  >< BsiCI
>< BsiLI     >< CfoI      >< BmyI      >< Bpu14I
>< ApyI >< DdeI >< Bsp143II >< AluI      >< Alw21I    >< AsuII
CTGGTTCCTCTG GAGCGCTCTG ATAAGAGCTA CGAGCACCAG ACACCCTTCG AAATTAAGAG TGCCAAGAAA
    990          1000          1010          1020          1030          1040          1050

                                >< Tru9I
                                >< MseI
                                >< BsmI
                                >< BscCI
                                >< MnlI
TTTGACACTT TCAAAGGGGA ATGCCCAAAG TTTGTGTTTC CTCTTAAGTC AAAAGTCAAA GTCATTCAAC
    1060          1070          1080          1090          1100          1110          1120

>< PmlI
>< PmaCI
>< MaeII
>< Eco72I
>< BsaAI
>< BbrPI
>< AflIII   >< MnlI>< DdeI
CACGTGTTGA AAAGAAAAAG ACTGAGGGTT TCATGGGGCG TATACGCTCT GTGTACCCTG TTGCATCTCC
    1130          1140          1150          1160          1170          1180          1190

>< SfaNI
>< MaeIII   >< AccI
ACAGGAGTGT AACAATATGC ACTTGTCTAC CTTGATGAAA TGTAATCATT GCGATGAAGT TTCATGGCAG
    1200          1210          1220          1230          1240          1250          1260

                                >< NlaIII ><
                                >< SinI
                                >< Sau96I
                                PssI ><
                                >< Psp5II
                                >< PpuMI
                                >< NspIV
                                >< NspHII
                                >< Eco47I
                                >< DraII
                                >< Cfr13I
                                >< BsiZI
                                >< Bme18I
                                >< AvaII
                                >< AsuI
                                Eco0109I >< AflIII >
ACGTGCGACT TTCTGAAAGC CACTTGTGAA CATTGTGGCA CTGAAAATTT AGTTATTGAA GGACCTACTA
    1270          1280          1290          1300          1310          1320          1330

                                Van91I ><
                                SinI ><
                                Sau96I ><
                                PflMI ><
                                NspIV ><
                                NspHII >
                                Eco47I ><
                                Cfr13I ><
                                BslI ><
                                BsiZI ><
                                BsiYI ><
                                Bme18I ><
                                AvaII ><
                                AsuI ><

>< MaeII
ACGTGCGACT TTCTGAAAGC CACTTGTGAA CATTGTGGCA CTGAAAATTT AGTTATTGAA GGACCTACTA
    1270          1280          1290          1300          1310          1320          1330

>< RsaI
>< NspI
>< NlaIV
>< NlaIII
>< NspHI>< KpnI
>< Eco64I
>< Csp6I
>< BscBI
>< BanI
>< Asp718
>< AfaI
>< AccBI

```

```

      >< Acc65I      >< SfcI      >< NlaIII      AccB7I ><
CATGTGGGTA CCTACCTACT AATGCTGTAG TGAAAATGCC ATGTCCTGCC TGTCAGACC CAGAGATTGG
1340      1350      1360      1370      1380      1390      1400

      >< TthHB8I
      >< TaqI>< MnlI
      >< HinfI
      >< DdeI      >< PleI      >< AciI
ACCTGAGCAT AGTGTTCAG ATTATCACAA CCACTCAAAC ATTGAAACTC GACTCCGCAA GGGAGGTAGG
1410      1420      1430      1440      1450      1460      1470

      >< RmaI      NlaIV ><
      >< MnlI      >< BsrI
      >< MaeI      >< BbvI      >< Fnu4HI      BscBI ><
ACTAGATGTT TTGGAGGCTG TGTGTTTGCC TATGTTGGCT GCTATAATAA GCGTGCCTAC TGGGTTCTCTC
1480      1490      1500      1510      1520      1530      1540

      XhoII ><
      Sau3AI ><
      NdeII ><
      MflI ><
      MboI ><
      DpnII ><
      >< Pali      >< Eco31I      >< MnlI DpnI >
      >< HaeIII      >< BsrI      >< BsmAI      BstYI ><
      >< RmaI      >< BsuRI      >< BsrI      >< BsaI>< HphI      BspAI ><
      >< MnlI      >< DdeI      >< BspWI      >< BshI>< BglI      >< Alw26I      Bsp143I >
      >< MaeI      >< BshI>< BglI      >< Alw26I      Bsp143I >
GTGCTAGTGC TGATATTGGC TCAGGCCATA CTGGCATTAC TGGTGACAAT GTGGAGACCT TGAATGAGGA
1550      1560      1570      1580      1590      1600      1610

      >< Tru9I
      >< MseI
      >< MaeII      >< Tru9I
      >< HpaI      >< MnlI
      >< HindII      >< Ksp632I
      >< HinfI >< PleI >< HincII      >< EarI
      >< AlwI >< DdeI      >< AflIII      >< MseI      >< Eam1104I
TCTCCTTGAG ATACTGAGTC GTGAACGTGT TAACATTAAC ATTGTTGGCG ATTTTCATTT GAATGAAGAG
1620      1630      1640      1650      1660      1670      1680

      >< MboII      PleI ><
      >< BstXI      >< SfaNI      >< HinfI
GTTGCCATCA TTTTGGCATC TTTCTCTGCT TCTACAAGTG CCTTTATTGA CACTATAAAG AGTCTTGATT
1690      1700      1710      1720      1730      1740      1750

      >< StyI
      >< MaeIII
      >< EcoT14I
      >< PleI      >< Eco130I
      >< MaeIII      >< BssT1I      BslI ><
      >< HinfI>< AciI      >< BsaJI      BsiYI ><
ACAAGTCTTT CAAAACCATG GTTGAGTCCT GCGGTAAC TAAGTTACC AAGGGAAAGC CCGTAAAAGG
1760      1770      1780      1790      1800      1810      1820

      >< Sau3AI      >< Van91I
      >< NdeII      >< PflMI
      >< MboI      >< DraIII
      >< DpnII      >< BslI
      >< DpnI >< Tru9I      >< BsiYI
      >< BspAI >< MseI      >< BbvI      >< MnlI
      >< Bsp143I      >< AccB7I      Fnu4HI ><

```

FIGURE 13.5

19/83

```

TGCTTGGAAC ATTGGACAAC AGAGATCAGT TTTAACACCA CTGTGTGGTT TTCCCTCACA GGCTGCTGGT
1830          1840          1850          1860          1870          1880          1890

                >< ThaI
                >< SfaNI
                >< MvnI
                >< HinP1I
                >< HinP1I
                >< Hin6I
                >< Hin6I
                >< HhaI
                >< HhaI
                >< CfoI
                >< CfoI
                >< BstUI
                >< BssHII
                >< Bsp50I
                >< Bsp143I
                >< AccII
                >< Fnu4HI
                >< BbvI
                >< PvuII >
                >< Psp5I >
                >< NspBII >
                >< HphI ><
                >< Fnu4HI ><
                >< AluI >
GTTATCAGAT CAATTTTTGC GCGCACACTT GATGCAGCAA ACCACTCAAT TCCTGATTTG CAAAGAGCAG
1900          1910          1920          1930          1940          1950          1960

                >< TthHB8I
                >< StyI
                >< NcoI
                >< HindII
                >< HincII
                >< HinII
                >< EcoT14I
                >< Eco57I
                >< TaqI>< Eco130I
                >< SalI >< DsaI
                >< RtrI >< BssT1I
                >< BsaHI
                >< BbiII>< NlaIII
                >< AcyI >< HgaI
                >< MaeIII
                >< BbvI
                >< MaeII >< AccI>< BsaJI
                >< HphI ><
CTGTCAACCAT ACTTGATGGT ATTTCTGAAC AGTCATTACG TCTTGTGCGAC GCCATGGTTT ATACTTCAGA
1970          1980          1990          2000          2010          2020          2030

                >< RsaI
                >< Csp6I
                >< AfaI
                >< DdeI
                >< BspMI
                >< NdeI
                >< MaeIII >< BsrI
                >< AatI
                >< DdeI
CCTGCTCACC AACAGTGTC TATTATGGC ATATGTAAC TGTGGTCTTG TACAACAGAC TTCTCAGTGG
2040          2050          2060          2070          2080          2090          2100

                >< StuI
                >< Pali
                >< HaeIII
                >< Eco147I
                >< SduI
                >< NspII
                >< Bsp1286I
                >< BmyI
                >< DdeI
                >< BsuRI
                >< BshI
                >< AatI
                >< MnlI
                >< DdeI ><
                >< BfrI ><
TTGTCTAATC TTTTGGGCAC TACTGTTGAA AAACCTCAGGC CTATCTTTGA ATGGATTGAG GCGAAACTTA
2110          2120          2130          2140          2150          2160          2170

                >< TfiI
                >< HinfI
                >< FokI
                >< SfaNI >< BsgI
                >< Tth111I ><
                >< AspI ><
GTGCAGGAGT TGAATTTCTC AAGGATGCTT GGGAGATTCT CAAATTTCTC ATTACAGGTG TTTTGTGACAT
2180          2190          2200          2210          2220          2230          2240

```

20/83

```

                                Tru9I ><
                                MseI ><
                                HpaI >
                                HindII >
                                HincII >
                                >< Eco57I
CGTCAAGGGT CAAATACAGG TTGCTTCAGA TAACATCAAG GATTGTGTAA AATGCTTCAT TGATGTTGTT
  2250      2260      2270      2280      2290      2300      2310

                                >< Sau3AI
                                >< NdeII
                                >< MboI
                                > < MaeIII
                                >< FbaI
                                >< DpnII
                                >< DpnI
                                >< BspAI
                                >< Bsp143I
                                >< TthHB8I
                                >< TaqI
AACAAGGCAC TCGAAATGTG CATTGATCAA GTCACATATCG CTGGCGCAAA GTTGCGATCA CTCAACTTAG
  2320      2330      2340      2350      2360      2370      2380

                                >< HinP1I
                                >< Hin6I
                                >< HhaI
                                >< CfoI
                                >< BspAI
                                >< BbsI
                                >< PvuII
                                >< Psp5I
                                >< NspBII
                                >< MaeII
                                >< Bst1107I
                                >< BsaAI
                                >< BbvI
                                Fnu4HI ><
                                > < Fnu4HI
                                >< HphI
                                >< DrdI
                                >< AccI
                                >< AluI
GTGAAGTCTT CATCGCTCAA AGCAAGGGAC TTTACCGTCA GTGTATACGT GGCAAGGAGC AGCTGCAACT
  2390      2400      2410      2420      2430      2440      2450

                                >< Tru9I
                                >< NlaIV
                                >< MseI
                                >< MnlI
                                >< Esp4I
                                >< Eco64I
                                >< BscBI
                                >< NlaIII >< BanI
                                >< AflIII
                                >< BbvI
                                >< AccB1I
                                >< MaeIII
                                >< TfiI
                                >< HinfI
                                >< HphI
                                >< AfaI
ACTCATGCCT CTTAAGGCAC CAAAAGAAGT AACCTTTCTT GAAGGTGATT CACATGACAC AGTACTTACC
  2460      2470      2480      2490      2500      2510      2520

                                > < XhoI
                                >< TthHB8I
                                >< TthHB8I >< TaqI
                                > < SlaI
                                > < PaeR7I
                                > < NspIII
                                >< HphI >< HinfI
                                > < Eco88I
                                > < CcrI
                                >< Esp3I >< BsaHI
                                > < BcoI
                                >< BsmAI >< BbiII
                                > < AvaI
                                >< HgaI
                                >< TaqI > < Ama87I >< BsmBI
                                >< Alw26I >< AcyI
                                >< AluI
                                >< DdeI >< MnlI
TCTGAGGAGG TTGTTCTCAA GAACGGTGAA CTCGAAGCAC TCGAGACGCC CGTTGATAGC TTCACAAATG
  2530      2540      2550      2560      2570      2580      2590

```

FIGURE 13.7

21/83

```

                                >< PstI >< NlaIII
                                >< HaeIII >< MnlI
                                >< BsuRI >< DdeI >< Tru9I
                                >< BshI >< BfrI >< MseI
    >< AluI          >< BsrI
GAGCTATCGT TGGCACACCA GTCTGTGTAA ATGGCCTCAT GCTCTTAGAG ATTAAGGACA AAGAACAATA
    2600          2610          2620          2630          2640          2650          2660

                                >< VneI
                                Tru9I ><
                                >< SnuI
                                >< SduI
                                >< NspII
                                MseI ><
                                >< HgiAI
                                Bsp1286I >< BslI ><
                                BsiYI ><
                                >< BmyI
                                >< ApaLI
                                >< Tru9I >< Alw44I
                                >< MseI >< Alw21I
CTGCGCATTG TCTCCTGGTT TACTGGCTAC AAACAATGTC TTTCGCTTAA AAGGGGGTGC ACCAATTAAA
    2670          2680          2690          2700          2710          2720          2730

                                >< TfiI
    >< MaeIII          >< MboII > < MaeIII          >< HinfI AluI ><
GGTGTAACCT TTGGAGAAGA TACTGTTTGG GAAGTTCAAG GTTACAAGAA TGTGAGAATC ACATTTGAGC
    2740          2750          2760          2770          2780          2790          2800

                                >< RsaI
                                >< NlaIV
                                MaeIII ><
                                >< MspI>< KpnI
                                >< HpaII
                                >< HapII
                                > < Eco64I
                                >< SduI >< Csp6I
                                >< NspII >< TfiI >< BscBI
                                >< HgiAI > < BanI
                                >< Bsp1286I > < Asp718
                                >< BmyI >< HinfI >< AfaI
                                >< Alw21I > < AccB1I
                                >< AccI > < Acc65I
TTGATGAACG TGTTGACAAA GTGCTTAATG AAAAGTGCTC TGTCTACACT GTTGAATCCG GTACCGAAGT
    2810          2820          2830          2840          2850          2860          2870

                                >< Sau3AI
                                >< NdeII
                                >< MboI
                                >< DpnII
                                > < DpnI
                                >< MboII >< BspAI
                                > < BsrI > < Bsp143I
    >< DdeI          >< MnlI >< AlwNI          >< BbsI >< AlwNI
TACTGAGTTT GCATGTGTTG TAGCAGAGGC TGTGTGAAG ACTTTACAAC CAGTTTCTGA TCTCCTTACC
    2880          2890          2900          2910          2920          2930          2940

                                >< Sau3AI
                                >< NdeII
                                >< MboI
                                >< DpnII
                                >< DpnI
                                >< BspAI

```

FIGURE 138

22/83

```

    >< NlaIII>< Bsp143I          >< AluI          >< SfaNI
AACATGGGTA TTGATCTTGA TGAGTGGAGT GTAGCTACAT TCTACTTATT TGATGATGCT GGTGAAGAAA
    2950          2960          2970          2980          2990          3000          3010

                                >< SfaNI
                                >< MnlI
                                >< Ksp632I          >< MnlI
                                >< EarI          >< MboII
    >< MboII          >< GsuI          >< MnlI          >< Eam1104I          >< MboII
    >< HphI          >< MaeII>< BpmI          >< MnlI          >< Eam1104I          >< MboII
..ACTTTTCATC ACGTATGTAT TGTTCCTTTT ACCCTCCAGA TGAGGAAGAA GAGGACGATG CAGAGTGTGA
    3020          3030          3040          3050          3060          3070          3080

                                >< RsaI
                                >< RsaI
                                >< NlaIII
                                >< MnlI          >< FokI
                                >< Csp6I          Eco31I ><
                                >< Csp6I          >< MamI BsmAI ><
                                >< MboII          >< AfaI          >< BsiBI BsaI ><
                                >< MboII          >< AfaI          >< BsaB1Alw26I ><
GGAAGAAGAA ATTGATGAAA CCTGTGAACA TGAGTACGGT ACAGAGGATG ATTATCAAGG TCTCCCTCTG
    3090          3100          3110          3120          3130          3140          3150

    >< NlaIV>< PvuII>< XmnI
    >< Eco64I >< Psp5I          >< TthHB8I
    >< MnlI >< DdeI          >< TaqI          >< MnlI          >< MboII
    >< BscBI>< NspBII >< MnlI          >< Ksp632I          >< MboII >< MboII
    >< BanI          >< MnlI          >< EarI          >< BsrI
    >< AccBII >< AluI >< Asp700I          >< Eam1104I >< MboII>< BbsI
GAATTTGGTG CCTCAGCTGA AACAGTTCGA GTTGAGGAAG AAGAAGAGGA AGACTGGCTG GATGATACTA
    3160          3170          3180          3190          3200          3210          3220

                                >< Tru9I
                                >< MseI          >< Eco57I
    >< FokI          >< BsrI>< MboII BsrI ><
    >< DdeI
CTGAGCAATC AGAGATTGAG CCAGAACCAG AACCTACACC TGAAGAACCA GTTAATCAGT TTAATGGTTA
    3230          3240          3250          3260          3270          3280          3290

                                >< MnlI
    >< Tru9I          >< Tru9I          >< HindII>< Tru9I          >< DraIII
    >< MseI          >< MseI          >< HincII>< MseI          >< BspWI
    >< DraI
TTTAAACTT ACTGACAATG TTGCCATTAA ATGTGTTGAC ATCGTTAAGG AGGCACAAAG TGCTAATCCT
    3300          3310          3320          3330          3340          3350          3360

                                >< VneI
                                >< SnuI
                                >< SduI
                                >< NspII
                                >< HgiAI
                                >< Bsp1286I
                                >< BmyI
                                >< ApaLI
                                >< Alw44I
    >< BbvI          >< HphI          >< NlaIII          >< Alw21I
    >< Fnu4HI          >< BspMI
ATGGTGATTG TAAATGCTGC TAACATACAC CTGAAACATG GTGGTGGTGT AGCAGGTGCA CTCAACAAGG
    3370          3380          3390          3400          3410          3420          3430

                                >< Sau96I
                                >< Pali
                                >< NspIV
                                >< HaeIII
                                >< Cfr13I
    >< NlaIV

```

FIGURE 13.9

23/83

```

>< Eco64I
  >< BscBI
>< BanI
  >< AccB1I>< NlaIII
CAACCAATGG TGCCATGCAA AAGGAGAGTG ATGATTACAT TAAGCTAAAT GGCCCTCTTA CAGTAGGAGG
3440          3450          3460          3470          3480          3490          3500

>< BsuRI
  >< BsiZI
  >< BshI
  >< MnlI
  >< AluI
  >< AsuI
  >< MnlI
  >< SinI
  >< Sau96I
  >< NspIV
  >< NspHI>< NspHII
  >< Eco47I
  >< Cfr13I
  >< NlaIII
  >< BspMI
  >< BsiZI
  >< Bme18I
  >< AvaII MnlI ><
  >< NspI>< AsuI FokI ><
GTCTTGTTTG CTTTCTGGAC ATAATCTTGC TAAGAAGTGT CTGCATGTTG TTGGACCTAA CCTAAATGCA
3510          3520          3530          3540          3550          3560          3570

  >< Tru9I
  >< HphI> < MseI
  >< Esp4I
  >< AluI
  >< NdeI
  >< AflIII>< Fnu4HI
  >< BbvI
GGTGAGGACA TCCAGCTTCT TAAGGCAGCA TATGAAAATT TCAATTCACA GGACATCTTA CTTGCACCAT
3580          3590          3600          3610          3620          3630          3640

  >< Eco57I
  >< BcgI
  >< BsgI
  >< BcgI/a
  >< BspMI
  >< AluI
  >< NlaIII
ACAGGTTTAT ATTGCAGTCA ATGACAAAGC TCTTTATGAG CAGGTTGTCA TGGATTATCT TGATAACCTG
3720          3730          3740          3750          3760          3770          3780

  >< RmaI
  >< MaeI
  >< MnlI
  >< Eco57I
  >< BscBI
  >< NlaIV
  >< TfiI
  >< MboII
  >< HinfI
  >< DdeI
AAGCCTAGAG TGGAAGCACC TAAACAAGAG GAGCCACCAA ACACAGAAGA TTCCAAACT GAGGAGAAAT
3790          3800          3810          3820          3830          3840          3850

  >< Tru9I
  >< StuI
  >< Pali
  >< MseI
  >< MnlI
  >< MaeIII
  >< HaeIII
  >< Eco147I
  >< Eco91I
  >< BsuRI
  >< BstXI ><
  >< BshI
  >< BstPI
  >< AatI
  >< BstEII
CTGTCGTACA GAAGCCTGTC GATGTGAAGC CAAAAATTAA GGCCTGCATT GATGAGGTTA CCACAACACT
3860          3870          3880          3890          3900          3910          3920

  >< RsaI
  >< Csp6I
  >< AfaI
  >< TthHB8I
  >< TaqI
  >< DdeI
  >< EcoRV
  >< HindIII
  >< TfiI ><
  >< NlaIII ><
  >< HinfI ><

```

```

>< BsrI      >< MboII      >< MaeIII      >< Eco32I      >< AluI
GGAAGAACT  AAGTTTCTTA  CCAATAAGTT  ACTCTTGTTC  GCTGATATCA  ATGGTAAGCT  TTACCATGAT
3930      3940      3950      3960      3970      3980      3990

      >< NspI
      >< NspHI
      >< NlaIII
      >< MnlI      >< SfaNI
      >< DdeI      >< EcoNI
      >< BfrI      >< MboII >< BslI      >< NlaIII
      >< DdeI      >< HphI      >< BsiYI      >< FokI
TCTCAGAACA  TGCTTAGAGG  TGAAGATATG  TCTTTCCTTG  AGAAGGATGC  ACCTTACATG  GTAGGTGATG
4000      4010      4020      4030      4040      4050      4060

      >< SpeI
      >< RmaI
      >< MaeI      >< EcoRV>< HphI      >< SfaNI
      >< HphI      >< Eco32I      >< MnlI      >< DdeI
TTTACTAG  TGGTGATATC  ACTTGTGTTG  TAATACCCTC  CAAAAGGCT  GGTGGCACTA  CTGAGATGCT
4070      4080      4090      4100      4110      4120      4130

      >< ScrFI
      >< RsaI
      >< MvaI
      >< EcoRII
      >< Ecl136I
      >< DsaV
      >< Csp6I >< EcoNI
      >< BstOI
      >< BstNI
      >< BsiLI
      >< BsaJI
      >< BsaAI      >< BslI
      >< MaeII>< ApyI
      >< AfaI      >< BsiYI
      >< AluI      >< BsrI
CTCAAGAGCT  TTGAAGAAAG  TGCCAGTTGA  TGAGTATATA  ACCACGTACC  CTGGACAAGG  ATGTGCTGGT
4140      4150      4160      4170      4180      4190      4200

      >< Tru9I
      >< MseI
      >< DdeI      >< Esp4I      >< RsaI
      >< MnlI      >< BspWI      >< Csp6I
      >< FokI      >< AluI      >< AflII      >< Eco57I >< AfaI
TATACACTTG  AGGAAGCTAA  GACTGCTCTT  AAGAAATGCA  AATCTGCATT  TTATGTACTA  CCTCAGAAG
4210      4220      4230      4240      4250      4260      4270

      >< ScrFI
      >< MvaI
      >< EcoRII
      >< XmnI      >< Ecl136I      NlaIII ><
      >< Ksp632I      >< RmaI      >< DsaV      Ksp632I ><
      >< EarI      >< TfiI>< MboII      >< BstOI      >< EarI
      >< Eam1104I      >< MaeI      >< BstNI      Eam1104I ><
      >< DdeI      >< HinfI      >< BsiLI      BsmAI ><
      >< BspWI      >< Asp700I      >< ApyI      Alw26I ><
CACCTAATGC  TAAGGAAGAG  ATTCTAGGAA  CTGTATCCTG  GAATTTGAGA  GAAATGCTTG  CTCATGCTGA
4280      4290      4300      4310      4320      4330      4340

      >< VspI      >< Zsp2I
      >< Tru9I      >< Ppu10I
      >< MseI      >< NsiI
      >< MboII      >< NlaIII      >< FokI
      >< Eco57I      >< Mph1103I      >< FokI

```

FIGURE 13. 11

25/83

```

                >< AsnI          >< EcoT22I          >< BspWI
                >< AseI          >< AvaIII          >< BglI          >< MaeII
AGAGACAAGA AAATTAATGC CTATATGCAT GGATGTTAGA GCCATAATGG CAACCATCCA ACGTAAGTAT
  4350      4360      4370      4380      4390      4400      4410

                >< SfaNI
                >< Tru9I          > < HindII          >< TfiI          >< SpeI
                >< MseI          > < HincII>< MboII          >< RmaI
                >< MnlI          >< DrdI >< HinfI          >< MaeI
AAAGGAATTA AAATTCAAGA GGCATCGTT GACTATGGTG TCCGATTCTT CTTTATACT AGTAAAGAGC
  4420      4430      4440      4450      4460      4470      4480

                >< MaeIII
>< SfcI          >< Fnu4HI          >< MunI
>< AluI          >< AluI          >< AclI          >< MaeIII ><
CTGTAGCTTC TATTATTACG AAGCTGAAC CTCTAAATGA GCCGCTTGTC ACAATGCCAA TTGGTTATGT
  4490      4500      4510      4520      4530      4540      4550

                >< ThaI
                >< MvnI
                >< MboII
                >< HinPII
>< HinPII
>< Hin6I
>< Hin6I
                >< HhaI
                >< HhaI
>< Tru9I          >< HhaI
>< NlaIII          >< Fnu4HI
>< MseI          >< CfoI
>< MnlI          >< CfoI
>< Ksp632I          >< BstUI
>< EarI          >< BssHII>< BspWI          >< Tru9I
>< Eam1104I          >< Bsp50I          >< MseI
>< BbvI          >< AccII          >< AluI          HphI ><
GACACATGGT TTTAATCTTG AAGAGGCTGC GCGCTGTATG CGTTCTCTTA AAGCTCCTGC CGTAGTGTCA
  4560      4570      4580      4590      4600      4610      4620

                >< MaeIII
>< SfaNI          >< AlwNI          >< MnlI >< MnlI>< DdeI
GTATCATCAC CAGATGCTGT TACTACATAT AATGGATACC TCACTTCGTC ATCAAAGACA TCTGAGGAGC
  4630      4640      4650      4660      4670      4680      4690

                >< SinI
                >< Sau96I
                >< NspIV
                >< NspHII
>< SduI          >< Eco47I
>< NspII          >< Cfr13I
>< HgiAI          >< BsiZI
>< Bsp1286I          >< Bme18I          >< RsaI
>< BmyI          >< AvaII          >< Csp6I
>< Alw21I          >< AsuI          >< AfaI
ACTTTGTAGA AACAGTTTCT TTGGCTGGCT CTTACAGAGA TTGGTCCTAT TCAGGACAGC GTACAGAGTC
  4700      4710      4720      4730      4740      4750      4760

                > < TthHB8I
                > < TaqI
                >< SduI
                >< NspII
                >< Van91I          >< RsaI          >< PflMI
                >< Eco24I
                >< Bsp1286I
                >< BmyI          >< GsuI ><
                >< Esp4I          >< HphI          >< BslI
                >< Csp6I          >< BsiYI

```

FIGURE 13 12

26/83

```

    >< AflIII >< MaeIII >< AfaI >< AccB7I >< BanIIBpmI ><
AGGTGTTGAA TTTCTTAAGC GTGGTGACAA AATTGTGTAC CACACTCTGG AGAGCCCCGT CGAGTTTCAT
4770 4780 4790 4800 4810 4820 4830

    >< Tru9I
    >< PleI >< EcoNI
    >< MnlI >< BslI
    >< BsmAI >< BsiYI
    >< MnlI >< HphI >< HinfI>< Alw26I>< AciI >< MseI
CTTGACGGTG AGGTTCTTTC ACTTGACAAA CTAAAGAGTC TCTTATCCCT GCGGGAGGTT AAGACTATAA
4840 4850 4860 4870 4880 4890 4900

    >< AluI >< NdeI
AAGTGITCAG AACTGTGGAC AACACTAATC TCCACACACA GCTTGTGGAT ATGTCTATGA CATATGGACA
4910 4920 4930 4940 4950 4960 4970

    >< SinI
    >< Sau96I
    >< NspIV
    >< NspHII
    >< Eco47I
    >< Cfr13I
    >< BsiZI
    >< Bme18I
    >< AvaII
    >< AsuI
    >< MaeIII >< Tru9I >< MnlI
    >< FokI >< MseI >< BspHI
GCAGTTTGGT CCAACATACT TGGATGGTGC TGATGTTACA AAAATTAAAC CTCATGTAAA TCATGAGGGT
4980 4990 5000 5010 5020 5030 5040

    >< TthHB8I
    >< RsaI
    >< RmaI
    >< MaeI
    >< Csp6I
    >< AfaI
    >< SnaBI
    >< MaeII >< HindIII >< RsaI
    >< Eco105I
    >< BsaAI >< AluI >< AfaI
AAGACTTTCT TTGTACTACC TAGTGATGAC ACACTACGTA GTGAAGCTTT CGAGTACTAC CATACTCTTG
5050 5060 5070 5080 5090 5100 5110

    >< RsaI
    >< NspI
    >< NspHI
    >< NlaIII
    >< Csp6I >< Tru9I
    >< AflIII >< MseI
    >< AfaI >< DraI
ATGAGAGTTT TCTTGGTAGG TACATGTCTG CTTTAAACCA CACAAAGAAA TGGAATTTC CTCAAGTTGG
5120 5130 5140 5150 5160 5170 5180

    >< Tru9I >< Tru9I
    >< MseI >< MseI
    >< MunI >< MaeI
    >< RmaI
    >< AluI >
TGGTTTAACT TCAATTAAAT GGGCTGATAA CAATTGTTAT TTGTCTAGTG TTTTATTAGC ACTTCAACAG
5190 5200 5210 5220 5230 5240 5250

    >< SfaNI
    >< SduI
    >< NspII
    >< Eco24I
    >< Bsp1286I
    >< BmyI >< HphI >
    >< BbvI Fnu4HI ><
    >< BanII >< BspWI
    >< MnlI

```

FIGURE 13.13

27 / 83

FIGURE 12 1.9

28 / 83

```

>< BanII
>< Alw21I
>< AluI
ACGGAGCTCA CCTTACAAAG ATGTCAGAGT ACAAAGGACC AGTGACTGAT GTTTTCTACA AGGAAACATC
5750 5760 5770 5780 5790 5800 5810

>< TthHB8I
>< TaqI >< MaeIII
TTACTACTACA ACCATCAAGC CTGTGTCGTA TAAACTCGAT GGAGTTACTT ACACAGAGAT TGAACCAAAA
5820 5830 5840 5850 5860 5870 5880

>< RsaI
>< Csp6I
>< SfcI >< BbvI
>< Fnu4HI >< AfaI
TTGGATGGGT ATTATAAAAA GGATAATGCT TACTATACAG AGCAGCCTAT AGACCTTGTA CCAACTCAAC
5890 5900 5910 5920 5930 5940 5950

Tru9I ><
SwaI ><
MseI ><
MamI ><
DraI ><
BsiBI ><
BsaBI ><
CATTACCAAA TGCGAGTTTT GATAATTTCA AACTCACATG TTCTAACACA AAATTTGCTG ATGATTTAAA
5960 5970 5980 5990 6000 6010 6020

>< MboII
>< AluI >< AluI>< MaeIII
TCAAATGACA GGCTTCACAA AGCCAGCTTC ACGAGAGCTA TCTGTCACAT TCTTCCCAGA CTTGAATGGC
6030 6040 6050 6060 6070 6080 6090

>< SfcI
GATGTAGTGG CTATTGACTA TAGACACTAT TCAGCGAGTT TCAAGAAAGG TGCTAAATTA CTGCATAAGC
6100 6110 6120 6130 6140 6150 6160

>< Tru9I
>< ScrFI
>< MvaI
>< MseI
>< EcoRII
>< Ecl136I
>< DsaV
>< BstOI
>< BstNI
>< BsiLI
>< MunI >< MaeII ><
>< BstXI >< ApyI >< MaeII >< BstXI
CAATTGTTTG GCACATTAAC CAGGCTACAA CCAAGACAAC GTTCAAACCA AACACTTGGT GTTTACGTTG
6170 6180 6190 6200 6210 6220 6230

> < RsaI
>< Csp6I
> < AfaI>< BsrI
TCTTTGGAGT ACAAAGCCAG TAGATACTTC AAATTCATTT GAAGTTCTGG CAGTAGAAGA CACACAAGGA
6240 6250 6260 6270 6280 6290 6300

>< HindII
>< HincII
>< MboII
>< MnlI >< Eco57I
ATGGACAATC TTGCTTGTGA AAGTCAACAA CCCACCTCTG AAGAAGTAGT GGAAAATCCT ACCATACAGA
6310 6320 6330 6340 6350 6360 6370

```

FIGURE 13.15

29/83

```

>< MaeIII
>< MaeII
AGGAAGTCAT AGAGGTGTGAC GTGAAACTA CCGAAGTTGT AGGCAATGTC ATACTTAAAC CATCAGATGA
6380      6390      6400      6410      6420      6430      6440

>< XhoII
>< Sau3AI
>< NlaIII
>< NdeII
>< MflI
>< MboI
>< DpnII
>< DpnI
>< BstYI
>< BspAI
>< Tru9I
>< MseI
>< BspHI >< Bsp143I>< Fnu4HI
>< MaeIII >< MnlI >< BbvI >< AlwI
AGGTGTTAAA GTAACACAAG AGTTAGGTCA TGAGGATCTT ATGGCTGCTT ATGTGGAAAA CACAAGCATT
6450      6460      6470      6480      6490      6500      6510

>< SauI
>< RmaI
>< MstII
>< MaeI
>< Eco81I
>< DdeI
>< CvnI
>< Bsu36I
>< Bse21I
>< BfrI> < Tru9I
>< AxyI> < MseI>< MunI >< NlaIII
>< Tru9I >< MseI >< AluI >< AocI >< DraI >< BbvI Fnu4HI ><
ACCATTAAGA AACCTAATGA GCTTTCACCTA GCCTTAGGTT TAAAAACAAT TGCCACTCAT GGTATTGCTG
6520      6530      6540      6550      6560      6570      6580

>< VspI >< StyI
>< Tru9I >< EcoT14I
>< MseI >< Eco130I
>< AsnI >< BssT1I
>< AseI >< BsaJI
>< DdeI
>< BslI
>< BsiYI
>< BfrI >< Fnu4HI
CAATTAATAG TGTTCCTTGG AGTAAATTT TGGCTTATGT CAAACCATTG TTAGGACAAG CAGCAATTAC
6590      6600      6610      6620      6630      6640      6650

>< HinP1I
>< Hin6I
>< HhaI
>< DdeI
>< BbvI >< CfoI
>< MaeII>< MseI
>< DraIII
>< AflIII
AACATCAAAT TGCCTAAGA GATTAGCACA ACGTGTGTTT AACCAATTATA TGCCTTATGT GTTTACATTA
6660      6670      6680      6690      6700      6710      6720

>< RsaI >< RsaI>< XbaI
>< Csp6I >< Csp6I >< RmaI
>< MunI >< AfaI >< AfaI >< MaeI >< AluI
TTGTTCCAAT TGTGTACTTT TACTAAAAGT ACCAATTCTA GAATTAGAGC TTCACTACCT ACAACTATTG
6730      6740      6750      6760      6770      6780      6790

>< VspI
>< Tru9I
>< NaeI
>< MspI
>< MseI

```

30/83

```

                                >< HpaII
                                >< HapII
                                >< Cfr10I >< FokI
                                >< AsnI
                                >< AseI>< HphI>< MaeIII
CTAAAAATAG TGTTAAGAGT GTTGCTAAAT TATGTTTGGG TGCCGGCATT AATTATGTGA AGTCACCCAA
6800          6810          6820          6830          6840          6850          6860

                                >< Tru9I    >< DdeI    MaeIII >
                                >< MseI    >< BfrI    >< BbvI
ATTTTCTAAA TTGTTACAAA TCGCTATGTG GCTATTGTTG TTAAGTATTT GCTTAGGTTC TCTAATCTGT
6870          6880          6890          6900          6910          6920          6930

                                >< SduI
                                >< NspII
                                >< HgiAI
                                >< Bsp1286I
                                >< BmyI
                                >< Alw21I
GTAAGTCTG CTTTGGTGT ACTCTTATCT AATTTTGGTG CTCCTTCTTA TTGTAATGGC GTTAGAGAAT
6940          6950          6960          6970          6980          6990          7000

                                Tru9I ><
                                MseI ><
                                >< Fnu4HI
                                BbvI >
                                >< MaeIII
                                >< MaeII
                                >< Fnu4HI
TGTATCTTAA TTCGTCTAAC GTTACTACTA TGGATTTCTG TGAAGGTTCT TTCCTTGCA GCATTTGTTT
7010          7020          7030          7040          7050          7060          7070

                                >< TfiI
                                >< MamI
                                >< HinfI
                                >< BsiBI
                                >< XmnI>< MaeIII
                                >< BsaBI >< AluI
                                >< Asp700I
                                >< AfaI ><
AAGTGGATTA GACTCCCTTG ATTCTTATCC AGCTCTTGAA ACCATTGAGG TGACGATTTC ATCGTACAAG
7080          7090          7100          7110          7120          7130          7140

                                >< Pali
                                >< NspBII
                                >< HaeIII
                                >< GdiII
                                >< Fnu4HI
                                >< EaeI
                                >< DdeI
                                >< BsuRI
                                >< BshI >< BslI
                                >< AciI>< BsiYI
>< RmaI
>< MaeI
CTAGACTTGA CAATTTTAGG TCTGGCCGCT GAGTGGGTTT TGGCATATAT GTTGTTTACA AAATTCTTTT
7150          7160          7170          7180          7190          7200          7210

                                >< BspMI
                                >< AluI
                                >< RmaI
                                >< MaeI
ATTATTAGG TCTTTCAGCT ATAATGCAGG TGTTCTTTGG CTATTTTGCT AGTCATTTC TCAGCAATTC
7220          7230          7240          7250          7260          7270          7280

                                RsaI ><
                                >< MboII
                                >< NlaIV
                                >< Eco64I
                                >< RsaI >< BscBI
                                >< Csp6I >< BanI
                                >< AfaI>< AccBII
                                >< NlaIII
                                BsiBI ><
                                BsaBI ><
                                AfaI ><

```

FIGURE 13.17

31/83

GACCAATCAA CCCTACTGAC CAGTCATCGT ATATTGTTGA TAGTGTTGCT GTGAAAAATG GCGCGCTTCA
7640 7650 7660 7670 7680 7690 7700

32/83

```

                >< FokI
                    >< BsmAI
                >< MnlI                    >< Alw26I                    >< AciI
CCTCTACTTT GACAAGGCTG GTCAAAAGAC CTATGAGAGA CATCCGCTCT CCCATTTTGT CAATTTAGAC
    7710          7720          7730          7740          7750          7760          7770

                >< VspI
                >< Tru9I
                >< MseI
                >< AsnI
                >< AseI
                >< BcgI/a
    > < AluI
AATTTGAGAG CTAACAACAC TAAAGGTTCA CTGCCTATTA ATGTCATAGT TTTTGATGGC AAGTCCAAAT
    7780          7790          7800          7810          7820          7830          7840

                >< SfcI    >< PvuII
                >< RsaI    >< Psp5I
                >< Csp6I    >< NspBII
                >< PleI
    >< HinfI    >< DdeI    >< BcgI    >< AfaI    >< AluI
GCGACGAGTC TGCTTCTAAG TCTGCTTCTG TGTACTACAG TCAGCTGATG TGCCAACCTA TTCTGTTGCT
    7850          7860          7870          7880          7890          7900          7910

                TthHB8I ><
                TaqI ><
                SalI ><
                RtrI ><
                HindII >
                HincII >
                >< ScaI
                >< RsaI
                >< Csp6I
                >< AfaI
                >< Tru9I
                >< SfaNI >< Eco57I
                >< MseI
                >< MaeII
    >< AluI
TGACCAAGCT CTTGTATCAG ACGTTGGAGA TAGTACTGAA GTTTCGGTTA AGATGTTTGA TGCTTATGTC
    7920          7930          7940          7950          7960          7970          7980

                >< Tru9I
                >< MseI
                > < Esp4I
                > < AflIII
                >< SfcI
                >< BspWI >< AluI
GACACCTTTT CAGCAACTTT TAGTGTTTCCT ATGGAAAAAC TTAAGGCACT TGTTGCTACA GCTCACAGCG
    7990          8000          8010          8020          8030          8040          8050

                >< PvuII
                >< Psp5I
                >< NspBII
                >< Fnu4HI
                >< AluI
    >< AluI
AGTTAGCAAA GGGTGTAGCT TTAGATGGTG TCCTTTCTAC ATTCGTGTCA GCTGCCCCGAC AAGGTGTTGT
    8060          8070          8080          8090          8100          8110          8120

                >< BbvI
                >< BsmAI
                >< DdeI
                >< HindII
                >< HincII
                >< FokI >< Alw26I
TGATACCGAT GTTGACACAA AGGATGTTAT TGAATGTCTC AACTTTTCAC ATCACTCTGA CTTAGAAGTG
    8130          8140          8150          8160          8170          8180          8190

                >< XhoII
                Sau3AI ><
                >< NdeII
                >< MflI
                >< MboI
                >< NlaIII >< HgaI
                >< HinfI >< DpnII
                DpnI ><

```

FIGURE 13.19

33/83

```

                                Bsp143I ><
                                >< BsaHI >< BstYI
                                >< BbiIII >< BspAI
                                >< AcyI >< BglII
                                >< MaeIII>< HphI
                                >< MaeIII >< HphI >< NlaIII
ACAGGTGACA GTTGTAAACA TTTCATGCTC ACCTATAATA AGGTTGAAAA CATGACGCCC AGAGATCTTG
8200      8210      8220      8230      8240      8250      8260

    >< NspI
    >< NspHI
    >< NlaIII
>< HinPII
>< Hin6I
    >< HhaI
    >< CfoI
GCGCATGTAT TGA CTGTAAT GCAAGGCATA TCAATGCCCA AGTAGCAAAA AGTCACAATG TTTCACATCAT
8270      8280      8290      8300      8310      8320      8330

                                >< BspWI >< MaeIII
                                >< NspI
                                >< NspHI
                                >< NlaIII
                                >< PvuII
                                >< Psp5I
                                >< Eam1105I
                                >< NspBII
                                >< BbvI
                                >< Fnu4HI
                                >< AflIII
                                >< AluI >< BbvI >< Fnu4HI
CTGGAATGTA AAAGACTACA TGTCTTTATC TGAACAGCTG CGTAAACAAA TTCGTAGTGC TGCCAAGAAG
8340      8350      8360      8370      8380      8390      8400

                                >< RmaI
                                >< MaeI >< Eam1105I
                                >< MboII
AACAACATAC CTTT TAGACT AACTTGTGCT ACAACTAGAC AGGTTGTCAA TGTCATAACT ACTAAAATCT
8410      8420      8430      8440      8450      8460      8470

                                >< Tru9I
                                >< Pali
                                >< MseI
                                >< HaeIII
                                >< ScaI
                                >< RsaI >< Tru9I
                                >< Csp6I >< MseI
                                >< AfaI >< DraI >< AflIII >< BbvI
CACTCAAGGG TGGTAAGATT GTTAGTACTT GTTTTAAACT TATGCTTAAG GCCACATTAT TGTGCGTTCT
8480      8490      8500      8510      8520      8530      8540

                                >< RsaI
                                >< Csp6I
                                >< BsrI
                                >< AfaI
                                >< NlaIII
                                >< Fnu4HI
                                >< MaeIII
TGCTGCATTG GTTTGTTATA TCGTTATGCC AGTACATACA TTGTCAATCC ATGATGGTTA CACAAATGAA
8550      8560      8570      8580      8590      8600      8610

                                >< MaeIII
                                >< MaeIII
                                >< FokI
ATCATTGGTT ACAAAGCCAT TCAGGATGGT GTCACCTCGTG ACATCATTTT TACTGATGAT TGTTTTGCAA
8620      8630      8640      8650      8660      8670      8680

                                >< NspI
                                >< NspHI
                                >< NlaIII
                                >< NlaIII
                                >< HgaI
                                >< BstXI
                                >< BbvI
                                >< AluI
ATAAACATGC TGGTTTTGAC GCATGGTTTA GCCAGCGTGG TGGTTCATAC AAAAATGACA AAAGCTGCCC
8690      8700      8710      8720      8730      8740      8750

```

```

                                >< ScrFI
                                >< ScrFI >< RsaI
                                >< MvaI >< MspI
                                >< EcoRII >< HpaII
                                >< Ecl136I>< NciI
                                >< DsaV >< HapII
                                >< BstOI>< DsaV
                                >< BstNI >< Csp6I
                                >< BsiII >< BcnIDdeI ><
                                >< ApyI >< AfaI

>< Fnu4HI
>< AluI
TGTAGTAGCT GCTATCATT CAAGAGAGAT TGGTTTCATA GTGCCTGGCT TACCGGGTAC TGTGCTGAGA
8760 8770 8780 8790 8800 8810 8820

> < MaeIII >< HphI >< MnlI >< BspWI
GCAATCAATG GTGACTTCTT GCATTTTCTA CCTCGTGTTT TTAGTGCTGT TGGCAACATT TGCTACACAC
8830 8840 8850 8860 8870 8880 8890

                                Tru9I >
                                SfaNI ><
                                >< RsaI
                                MseI >

                                >< BspWI >< Fnu4HI >< Csp6I
                                >< BbvI>< MnlI >< DdeI >< AfaI
CTTCCAAACT CATTGAGTAT AGTGATTTTG CTACCTCTGC TTGCGTTCCT GCTGCTGAGT GTACAATTTT
8900 8910 8920 8930 8940 8950 8960

                                > < RmaI
                                >< MnlI
                                > < MaeI
TAAGGATGCT ATGGGCAAAC CTGTGCCATA TTGTTATGAC ACTAATTTGC TAGAGGGTTC TATTTCTTAT
8970 8980 8990 9000 9010 9020 9030

                                ScrFI >
                                MvaI >
                                MnlI ><
                                EcoRII ><
                                Ecl136I >
                                DsaV ><
                                BstOI >
                                BstNI >
                                BsiII >
                                ApyI >

                                >< NlaIV
                                >< FokI
                                >< BscBI
                                >< AluI
AGTGAGCTTC GTCCAGACAC TCGTTATGTG CTTATGGATG GTTCCATCAT ACAGTTTCCT AACACTTACC
9040 9050 9060 9070 9080 9090 9100

                                >< RsaI
                                >< SfcI >< NspI
                                >< ScaI >< NspHI
                                >< RsaI >< NlaIII
                                >< SfaNI
                                >< Csp6I >< NlaIII
                                > < MaeIII >< AfaI >< Csp6I
                                >< GsuI
                                >< BpmI >< DdeI >< AccI >< AfaI
TGGAGGGTTC TGTTAGAGTA GTAACAACTT TTGATGCTGA GTACTGTAGA CATGGTACAT GCGAAAGGTC
9110 9120 9130 9140 9150 9160 9170

                                >< SstI
                                >< SduI
                                >< SacI
                                NspII ><
                                HgiAI ><
                                Eco24I ><
                                Bsp1286I ><

```

FIGURE 13.21

35/83

```

                                Ecl1136II ><>< BmyI
                                BanII ><
                                >< Tru9I      Alw21I ><
                                >< MseI        >< AluI
AGAAGTAGGT ATTTGCCTAT CTACCACTGG TAGATGGGTT CTTAATAATG AGCATTACAG AGCTCTATCA
  9180          9190          9200          9210          9220          9230          9240

                                >< TfiI
                                >< SfaNI      >< HinfI    >< AluI      >< MnlI
GGAGTTTCT GTGGTGTGA TGCGATGAAT CTCATAGCTA ACATCTTTAC TCCTCTTGTTG CAACCTGTGG
  9250          9260          9270          9280          9290          9300          9310

                                >< MaeIII
                                HphI ><
                                >< Eco57I      >< BbvI Fnu4HI ><
GTGCTTTAGA TGTGTCTGCT TCAGTAGTGG CTGGTGGTAT TATTGCCATA TTGGTGACTT GTGCTGCCTA
  9320          9330          9340          9350          9360          9370          9380

                                >< RsaI
                                >< Csp6I    >< NlaIII
                                >< MaeII      >< BbvI      >< Fnu4HI
                                >< AflIII     >< AfaI>< HphI    >< BspWI
CTACTTTATG AAATTCAGAC GTGTTTTTGG TGAGTACAAC CATGTTGTTG CTGCTAATGC ACTTTTGTTT
  9390          9400          9410          9420          9430          9440          9450

                                >< RsaI
                                >< NlaIV
                                >< KpnI
                                >< Eco64I      >< ScrFI
                                >< Csp6I      >< NciI
                                >< BscBI      >< MspI
                                >< Asp718     >< HpaII
                                >< BanI >< AluI      >< HinfI
                                >< AfaI      >< HapII      >< PleI
                                >< AccB1I     >< BcnI      >< DdeI
                                >< Acc65I     >< AluI>< DsaV   >< AccI
TTGATGTCTT TCACTATACT CTGTCTGGTA CCAGCTTACA GCTTCTGCCC GGGAGTCTAC TCAGTCTTTT
  9460          9470          9480          9490          9500          9510          9520

                                >< RsaI
                                >< Csp6I
                                >< AfaI    >< HphI      NlaIII ><
ACTTGTACTT GACATTCTAT TTCACCAATG ATGTTTCATT CTTGGCTCAC CTTCAATGGT TTGCCATGTT
  9530          9540          9550          9560          9570          9580          9590

TTCTCCTATT GTGCCTTTTT GGATAACAGC AATCTATGTA TTCTGTATTT CTCTGAAGCA CTGCCATTGG
  9600          9610          9620          9630          9640          9650          9660

                                >< TthHB8I
                                >< RsaI
                                >< MnlI
                                >< MnlI
                                >< Tru9I      >< Csp6I
                                >< PleI      >< BcgI/a >< TaqI
                                >< MseI      >< BbvI
                                >< Eco57I    >< BfrI      >< HinfI    >< MseI >< MaeIII >< AfaI Fnu4HI ><
TTCTTTAACA ACTATCTTAG GAAAAGAGTC ATGTTTAATG GAGTTACATT TAGTACCTTC GAGGAGGCTG
  9670          9680          9690          9700          9710          9720          9730

                                >< RsaI
                                >< Csp6I
                                >< BcgI
                                >< RsaI
                                >< Csp6I
                                >< BsmAI

```

```

      >< AfaI      >< AfaI      >< Alw26I
CTTTGTGTAC CTTTTTGCTC AACAAGGAAA TGTACCTAAA ATTGCGTAGC GAGACACTGT TGCCACTTAC
  9740      9750      9760      9770      9780      9790      9800

                                >< NlaIV
                                >< DdeI
                                >< BscBI
                                >< BfrI   AluI ><
      >< RsaI
      >< Csp6I
      >< AfaI
ACAGTATAAC AGGTATCTTG CTCTATATAA CAAGTACAAG TATTCAGTG GAGCCTTAGA TACTACCAGC
  9810      9820      9830      9840      9850      9860      9870

      >< Fnu4HI
      >< DdeI
      >< Fnu4HI   >< BfrI
      >< BbvI   >< AluI   >< BbvI
TATCGTGAAG CAGCTTGCTG CCACTTAGCA AAGGCTCTAA ATGACTTTAG CAACTCAGGT GCTGATGTTT
  9880      9890      9900      9910      9920      9930      9940

                                >< DdeI >< AlwNI
                                >< BsmI
                                >< BscCI
      >< SfcI
      >< PstI
      >< BscCI
TCTACCAACC ACCACAGACA TCAATCACTT CTGCTGTTCT GCAGAGTGGT TTTAGGAAAA TGGCATTCCC
  9950      9960      9970      9980      9990      10000      10010

      >< RsaI
      >< NlaIII
      >< MaeIII
      >< Csp6I
      >< AfaI
      >< Tru9I
      >< MseI
GTCAGGCAAA GTTGAAGGGT GCATGGTACA AGTAACCTGT GGAAGTACAA CTCTTAATGG ATTGTGGTTG
  10020      10030      10040      10050      10060      10070      10080

                                XhoII ><
                                Sau3AI ><
                                >< Tru9I   NdeII ><
                                >< NspI     MflI ><
                                >< NspHI    MboI ><
                                >< NlaIII   DpnII ><
                                >< MseI     BstYI ><
                                >< MboII   BspAI ><
                                >< BbsI     BglII ><
      >< FokI
      >< Bst1107I
      >< AccI
      >< NspI
      >< NspHI
      >< NlaIII
      >< AflIII
      >< BbsI
GATGACACAG TATACTGTCC AAGACATGTC ATTTGCACAG CAGAAGACAT GCTTAATCCT AACTATGAAG
  10090      10100      10110      10120      10130      10140      10150

                                Pali >
                                MscI >
                                HaeIII >
                                EaeI ><
                                BsuRI >
                                BshI >
                                BalI >
      >< DpnI >< MboII
      >< Bsp143I
      >< AluI
ATCTGCTCAT TCGCAAATCC AACCATAGCT TTCTTGTTCA GGCTGGCAAT GTTCAACTTC GTGTTATTGG
  10160      10170      10180      10190      10200      10210      10220

      >< DdeI> < Tru9I
      >< BfrI> < MseI
      >< DdeI
CCATTCTATG CAAAATTGTC TGCTTAGGCT TAAAGTTGAT ACTTCTAACC CTAAGACACC CAAGTATAAA
  10230      10240      10250      10260      10270      10280      10290

      >< ScrFI
      >< MvaI
      >< EcoRII
      >< Ecl136I
                                >< SphI

```

FIGURE 13.23

37/83

```

>< DsaV
>< BstOI
>< BstNI
>< BsiLI
>< ApyI
TTTGTCCGTA TCCAACCTGG TCAAACATTT TCAGTTCTAG CATGCTACAA TGGTTCACCA TCTGGTGT TT
10300      10310      10320      10330      10340      10350      10360

>< PaeI
>< NspI
>< NspHI
>< NlaIII
>< RmaI
>< MaeI
>< HphI

>< Sau3AI
>< NdeII
>< MboI>< NlaIII
>< DpnII
>< Eco31I
>< BsmAI
>< BsaI>< NlaIII
>< Alw26I
ATCAGTGTGC CATGAGACCT AATCATACCA TTAAAGGTTT TTTCTTAAT GGATCATGTG GTAGTGTGTTGG
10370      10380      10390      10400      10410      10420      10430

>< Zsp2I
>< Ppu10I
>< NsiI>< SfaNI
>< NdeI
>< Mph1103I
>< EcoT22I
>< AvaIII
>< AluI
>< RsaI
>< Csp6I
>< AfaI
TTTAAACATT GATTATGATT GCGTGTCTTT CTGCTATATG CATCATATGG AGCTTCCAAC AGGAGTACAC
10440      10450      10460      10470      10480      10490      10500

>< SinI
>< Sau96I
>< NspIV
>< NspHII
>< Eco47I
>< Cfr13I
>< BsiZI
>< Bme18I
>< HindII
>< AvaII
>< HincII
>< AsuI>< BsgI
>< BbvI
>< BspMI
>< AfaI
>< SfcI
>< RsaI
>< PstI
>< Fnu4HI
>< Csp6I
>< BspWI
GCTGGTACTG ACTTAGAAGG TAAATTCTAT GGTCCATTG TTGACAGACA AACTGCACAG GCTGCAGGTA
10510      10520      10530      10540      10550      10560      10570

>< Tru9I
>< MseI
>< BbvI
>< Fnu4HI
>< HphI
CAGACACAAC CATAACATTA AATGTTTTGG CATGGCTGTA TGCTGCTGTT ATCAATGGTG ATAGGTGGTT
10580      10590      10600      10610      10620      10630      10640

>< Tru9I
>< TfiI
>< MseI
>< HphI
>< RsaI
>< Csp6I
>< AfaI
>< HinfI
>< Tru9I
>< MseI
TCTTAATAGA TTCACCACTA CTTTGAATGA CTTTAACCTT GTGGCAATGA AGTACAATA TGAACCTTTG
10650      10660      10670      10680      10690      10700      10710

>< SinI
>< Sau96I
>< PssI
>< Psp5II
>< PpuMI
>< NspIV
>< NspHII
>< NlaIV

```

```

>< EcoO109I
>< Eco47I
>< DraII
>< Cfr13I
>< BsiZI
>< BscBI
>< DdeI
>< BfrI
>< BbvI
>< DpnII>< NlaIII
>< DpnI >< HindII
>< BspAI >< HincII
>< Bsp143I
>< AsuI
>< MnlI
ACACAAGATC ATGTTGACAT ATTGGGACCT CTTTCTGCTC AAACAGGAAT TGCCGTCTTA GATATGTGTG
10720 10730 10740 10750 10760 10770 10780

>< StyI
>< RsaI
>< EcoT14I
>< Eco130I
>< Csp6I
>< BssT1I
>< BsaJI
>< SfcI
>< Fnu4HI
>< Fnu4HI
>< BbvI
>< Fnu4HI
>< BbvI
>< AluI
>< PstI
>< AfaI
CTGCTTTGAA AGAGCTGCTG CAGAATGGTA TGAATGGTCG TACTATCCTT GGTAGCACTA TTTTAGAAGA
10790 10800 10810 10820 10830 10840 10850

>< StyI
>< EcoT14I
>< Eco130I
>< BssT1I
>< BsaJI
>< MaeIII>< BsaJI
>< MboII
TGAGTTTACA CCATTTGATG TTGTTAGACA ATGCTCTGGT GTTACCTTCC AAGGTAAGTT CAAGAAAATT
10860 10870 10880 10890 10900 10910 10920

>< SfaNI
>< SduI
>< NspII
>< Tru9I
>< NspII
>< MseI
>< Bsp1286I
>< Tru9I>< Bsp1286I
>< MseI>< BmyI
>< FokI
>< RsaI><
>< TfiI
>< Csp6I><
>< HinfI
>< AfaI><
GTTAAGGGCA CTCATCATTG GATGCTTTTA ACTTTCTTGA CATCACTATT GATTCTTGTT CAAAGTACAC
10930 10940 10950 10960 10970 10980 10990

>< XmnI
>< BsmI
>< BscCI
>< Asp700I
>< MunI
>< Fnu4HI>
>< BspWI><
>< BbvI
>< BbvI>
>< MaeIII
AGTGGTCACT GTTTTTCTTT GTTTACGAGA ATGCTTTCTT GCCATTTACT CTTGGTATTA TGGCAATTGC
11000 11010 11020 11030 11040 11050 11060

>< NspI
>< NspHI
>< NlaIII
>< BspWI>< Fnu4HI>< BspWI>< BscCI
>< MaeIII
TGCATGTGCT ATGCTGCTTG TTAAGCATAA GCACGCATTC TTGTGCTTGT TTCTGTTACC TTCTCTTGCA
11070 11080 11090 11100 11110 11120 11130

>< SfaNI
>< RmaI
>< NspI
>< NlaIII
>< NheI
>< MaeI
>< BsiBI
>< NlaIII
>< BspWI>< MseI>< AccI>< NspHI>< AluI
>< BsaBI>< NlaIII
ACAGTTGCTT ACTTTAATAT GGTCTACATG CCTGCTAGCT GGGTGATGCG TATCATGACA TGGCTTGAAT
11140 11150 11160 11170 11180 11190 11200

```

FIGURE 13.25

39/83

```

                >< Tru9I
                >< MseI
    > < RmaI
    > < MaeI
    >< AluI
    TGGCTGACAC TAGCTTGTCT GGTATAGGC TTAAGGATTG TGTTATGTAT GCTTCAGCTT TAGTTTTGCT
    11210      11220      11230      11240      11250      11260      11270
                >< Eco57I
                >< RmaI
                >< MaeII
                >< MaeI
    > < NlaIII >< SfaNI >< Fnu4HI
    >< BspHI >< AluI >< BbvI >< AflIII
    TATTCTCATG ACAGCTCGCA CTGTTTATGA TGATGCTGCT AGACGTGTTT GGACACTGAT GAATGTCATT
    11280      11290      11300      11310      11320      11330      11340
                >< Sau96I
                >< Pali
                >< NspIV
                >< NlaIII
                >< HaeIII
    >< Sau3AI >< DdeI
    >< NdeII >< Cfr13I
    >< MboI >< BsuRI
    >< DpnII >< BsiZI
    >< DpnI >< BshI
    >< Bsp143I >< BfrI
    >< AccI >< BspAI>< AluI >< AsuI
    ACACTTGTTT ACAAAGTCTA CTATGGTAAT GCTTTAGATC AAGCTATTTT CATGTGGGCC TTAGTTATTT
    11350      11360      11370      11380      11390      11400      11410
                >< RmaI
                >< NlaIII
                >< MaeI>< SfcI
    >< MaeIII >< MnlI >< MaeIII >< AluI>< AluI
    CTGTAACCTC TAACTATTCT GGTGTCGTTA CGACTATCAT GTTTTTAGCT AGAGCTATAG TGTTTGTGTG
    11420      11430      11440      11450      11460      11470      11480
                >< BsrI >< NlaIII BfrI >
    TGTTGAGTAT TACCCATTGT TATTTATTAC TGGCAACACC TTACAGTGTA TCATGCTTGT TTATTGTTTC
    11490      11500      11510      11520      11530      11540      11550
                >< Pali
                >< HaeIII
    >< Fnu4HI >< BsuRI
    >< BbvI >< Fnu4HI >< BspWI
    >< BbvI >< BspWI >< BshI >< Eco57I >< MaeIII
    TTAGGCTATT GTTGCTGCTG CTTACTTTGGC CTTTTCTGTT TACTCAACCG TTA CTACTCTTG
    11560      11570      11580      11590      11600      11610      11620
                >< ScrFI
                >< MvaI
    >< EcoRII
    >< Ecl136I
    >< DsaV
    >< BstOI
    >< BstNI
    >< BsiLI
    >< BsaJI
    >< BsaJI
    >< Eco31I
    >< BsmAI
    >< BsaI

```

```

                >< DrdI >< Alw26I                                >< ApyI      DdeI ><
GTGTTTATGA CTACTTGGTC TCTACACAAG AATTTAGGTA TATGAACTCC CAGGGGCTTT TGCCTCCTAA
11630      11640      11650      11660      11670      11680      11690

                >< Tru9I
                >< MseI
>< SfaNI      > < HindIII> < Tru9I
>< MnlI      >< AluI > < MseI > < MnlI      > < NlaIII
GAGTAGTATT GATGCTTTCA AGCTTAACAT TAAGTTGTTG GGTATTGGAG GTAAACCATG TATCAAGGTT
11700      11710      11720      11730      11740      11750      11760

                >< VneI
                >< SnaI
                >< SduI
                >< NspII
                >< HgiAI
                >< Bsp1286I
                >< BmyI      >< RsaI
                >< RsaI      >< ApaLI      >< MboII
                >< Csp6I      >< Alw44I      >< Csp6I      DdeI >
                >< AfaI      >< MaeII      >< Alw21I >< AfaI      BfrI >
GCTACTGTAC AGTCTAAAAT GTCTGACGTA AAGTGCACAT CTGTGGTACT GCTCTCGGTT CTTCAACAAC
11770      11780      11790      11800      11810      11820      11830

                >< NspII> < RsaI
                >< DraIII
                >< SduI>< Csp6I
                >< Bsp1286I
                >< MboII      >< HinfI >< PfuI      >< BmyI > < AfaI      >< MboII
TTAGAGTAGA GTCATCTTCT AAATTGTGGG CACAATGTGT ACAACTCCAC AATGATATTC TTCTTGCAAA
11840      11850      11860      11870      11880      11890      11900

                >< TthHB8I
                >< TaqI
                >< HindIII      >< MboII      >< NlaIII
                >< AluI      > < Eco57I      >< BspWI AccI ><
AGACACAAC TGAAGCTTTCG AGAAGATGGT TTCTCTTTTG TCTGTTTTGC TATCCATGCA GGGTGCTGTA
11910      11920      11930      11940      11950      11960      11970

                >< VspI
                >< Tru9I      > < Ksp632I
                >< MseI      >< TthHB8I      > < EarI
                >< AsnI      >< TaqI >< MboII      > < Eam1104I
                >< AseI>< MnlI >< BcgI/a      >< Eco57I      >< Eco57I >< BcgI
GACATTAATA GGTGTGCGA GGAAATGCTC GATAACCGTG CTACTCTTCA GGCTATTGCT TCAGAATTTA
11980      11990      12000      12010      12020      12030      12040

                >< StuI
                >< ScrFI
                >< PstI
                >< MvaI>< HaeIII
                >< EcoRII>< Eco147I
                >< Ecl136I
                >< DsaV >< BsuRI
                >< BstOI
                >< BstNI
                >< BspWI
                >< BsiLI
                >< Fnu4HI      >< BsaJI >< BshI      TfiI ><
                >< NdeI      >< BspWI>< MnlI >< BglI      >< SfcI HinfI ><
                >< AciI      >< ApyI>< AatI      > < AluI

```

FIGURE 13. 27

41/83

```

GTTCTTTACC ATCATATGCC GCTTATGCCA CTGCCCAGGA GGCCTATGAG CAGGCTGTAG CTAATGGTGA
12050      12060      12070      12080      12090      12100      12110

    >< XmnI      >< Tru9I      >< SfaNI
    >< HphI      >< MseI      >< DdeI
    >< Asp700I   >< Eco57I   >< BbvI Fnu4HI ><
TTCTGAAGTC GTTCTCAAAA AGTTAAAGAA ATCTTTGAAT GTGGCTAAAT CTGAGTTTGA CCGTGATGCT
12120      12130      12140      12150      12160      12170      12180

                                XhoII ><
                                Sau3AI ><
                                NdeII ><
                                MnlI >
                                >< MnlI
                                >< MflI
                                >< MboI
                                DpnII ><
                                DpnI ><
                                DdeI ><
                                BstYI ><
                                >< BspWI
                                >< BspAI      >< RsaIBspAI ><
                                >< Bsp143I   >< Csp6IBsp143I ><
                                >< AfaIBglII ><
GCCATGCAAC GCAAGTTGGA AAAGATGGCA GATCAGGCTA TGACCCAAAT GTACAAACAG GCAAGATCTG
12190      12200      12210      12220      12230      12240      12250

    >< NlaIII
    >< SpeI
    >< RmaI
    >< MaeIII
    >< MaeI
    >< MboII
    >< BspWI
    >< Ksp632I >< HindIII
    >< DdeI >< SfaNI
    >< Eam1104I >< BspWI
    >< EarI>< BfrI >< AluI
AGGACAAGAG GGCAAAAGTA ACTAGTGCTA TGCAAACAAT GCTCTTCACT ATGCTTAGGA AGCTTGATAA
12260      12270      12280      12290      12300      12310      12320

    >< ThaI
    >< MvnI
    >< HinpII
    >< Hin6I
    >< HhaI
    >< CfoI
    >< BstUI
    >< Bsp50I
    >< AccII
    >< Tru9I
    >< MseI
    >< SfcI ><
TGATGCACTT AACAACATTA TCAACAATGC GCGTGATGGT TGTGTTCCAC TCAACATCAT ACCATTGACT
12330      12340      12350      12360      12370      12380      12390

    >< RsaI
    >< NlaIV
    >< Eco64I
    >< Csp6I
    >< BslI
    >< BsiYI>< KpnI
    >< BscBI
    >< BanI
    >< Asp718
    >< AfaI
    >< AccB1I
    >< Acc65I
    >< NlaIII
    >< BstXI
    >< Fnu4HI >< BbvI
    >< MaeIII
    >< BsgI ><
ACAGCAGCCA AACTCATGGT TGTGTGCCCT GATTATGGTA CCTACAAGAA CACTTGTGAT GGTAACACCT
12400      12410      12420      12430      12440      12450      12460

    >< Zsp2I
    >< Ppu10I

```

```

    >< NsiI
    >< Mph1103I
    >< NdeI>< EcoT22I
    >< AvaIII >< SfaNI
    >< SfaNI
    >< AciI
    DdeI ><
    BfrI ><
    TTACATATGC ATCTGCACTC TGGGAAATCC AGCAAGTTGT TGATGCGGAT AGCAAGATTG TTCAACTTAG
    12470      12480      12490      12500      12510      12520      12530

    >< Pali
    >< HaeIII >< MnlI >< DdeIDdeI ><
    >< BsuRI >< MaeIII >< BspWI
    >< Tru9I>< NlaIII
    >< MseI>< HphI > < XcmI>< BshI >< AluI BspWI ><
    TGAAATTAAC ATGGACAATT CACCAAATTT GGCTTGGCCT CTTATTGTTA CAGCTCTAAG AGCCAACTCA
    12540      12550      12560      12570      12580      12590      12600

    RsaI ><
    NlaIV ><
    KpnI ><
    >< Fnu4HI
    Eco64I ><
    Csp6I ><
    BscBI ><
    Asp718 ><
    AfaI ><
    >< AciI>< BanI
    AccB1I ><
    >< PshAI Acc65I ><
    >< AluI > < SfcI
    >< DdeI>< BsrI
    >< HinfI >< PleI
    GCTGTAAAC TACAGAATAA TGAAGT GAGT CAGTAGCAC TACGACAGAT GTCCTGTGCG GCTGGTACCA
    12610      12620      12630      12640      12650      12660      12670

    >< TthHB8I
    >< TaqI
    >< SfuI
    >< NspV
    >< MnlI
    >< LspI
    >< Csp45I
    >< BstBI
    >< Bsp119I
    >< BsiCI
    >< Bpu14I
    >< AsuII
    >< RsaI
    >< Csp6I
    >< AluI
    >< AfaI
    CACAAACAGC TTGTACTGAT GACAATGCAC TTGCCTACTA TAACAATTCG AAGGGAGGTA GGTGGTGTGCT
    12680      12690      12700      12710      12720      12730      12740

    >< XhoII
    >< Sau3AI
    >< NdeII
    >< MflI
    >< MboI
    >< DpnII
    >< DpnI
    >< BstYI
    >< BspAI
    >< Bsp143I
    >< BglII
    >< TfiI
    >< RmaI
    >< HinfI
    >< MaeI
    >< DdeI
    >< RsaI
    >< Csp6I
    >< Csp6I>< RsaI
    >< AfaI>< AfaI
    GGCATTACTA TCAGACCACC AAGATCTCAA ATGGGCTAGA TTCCCTAAGA GTGATGGTAC AGGTACAATT
    12750      12760      12770      12780      12790      12800      12810

    >< Sau96I
    >< PssI
    >< Pali
    >< NspIV

```

FIGURE 13.29

43/83

```

                                >< HaeIII
                                >< EcoO109I
                                >< DraII
                                >< Cfr13I
                                >< BsuRI
                                >< BsiZI      RsaI >
                                >< BshI      Csp6I ><
                                >< AsuI      AfaI >
TACACAGAAC TGGAACCACC TTGTAGGTTT GTTACAGACA CACCAAAAAGG GCCTAAAGTG AAATACTTGT
12820      12830      12840      12850      12860      12870      12880

                                >< SfcI
                                > < MboII
                                MaeII ><
                                >< Fnu4HI >< RsaI
                                >< Eco57I >< Csp6I
                                > < BbsI
                                >< Tru9I
                                >< MseI >< MnlI
                                >< BbvI      >< AluI      >< AfaI
ACTTCATCAA AGGCTTAAAC AACCTAAATA GAGGTATGGT GCTGGGCAGT TTAGCTGCTA CAGTACGTCT
12890      12900      12910      12920      12930      12940      12950

                                >< RsaI
                                >< SfcI >< Csp6I
                                >< BspWI      >< AfaI      >< BspMI
TCAGGCTGGA AATGCTACAG AAGTACCTGC CAATTCAACT GTGCTTTCCT TCTGTGCTTT TGCAGTAGAC
12960      12970      12980      12990      13000      13010      13020

                                >< RmaI
                                >< MnlI
                                >< MaeI      >< HphI
CCTGCTAAAG CATATAAGGA TTACCTAGCA AGTGGAGGAC AACCAATCAC CAACTGTGTG AAGATGTTGT
13030      13040      13050      13060      13070      13080      13090

                                >< SinI
                                >< Sau96I
                                >< NspIV
                                >< NspHII
                                >< NlaIII
                                >< Eco47I
                                >< Eam1105I
                                >< Cfr13I
                                >< BsiZI
                                >< Bme18I >< XcmI
                                >< AvaII      PleI ><
                                >< AsuI> < HinfI
GTACACACAC TGGTACAGGA CAGGCAATTA CTGTAACACC AGAAGCTAAC ATGGACCAAG AGTCCTTTGG
13100      13110      13120      13130      13140      13150      13160

                                >< SfaNI
                                >< NlaIII      >< FokI
                                >< HinfI
TGGTGCTTCA TGTTGTCTGT ATTGTAGATG CCACATTGAC CATCCAAATC CTAAAGGATT CTGTGACTTG
13170      13180      13190      13200      13210      13220      13230

                                > < RsaI
                                >< MaeII
                                >< Csp6I
                                > < AfaI
AAAGGTAAGT ACGTCCAAAT ACCTACCACT TGTGCTAATG ACCCAGTGGG TTTTACACTT AGAAACACAG
13240      13250      13260      13270      13280      13290      13300

                                >< DdeI
                                >< BfrI
                                >< Thai

```

44/83

```

>< RsaI
>< Csp6I
>< AfaI >< AciI
TCTGTACCGT CTGCGGAATG TGGAAAGGTT ATGGCTGTAG TTGTGACCAA CTCCGCGAAC CCTTGATGCA
13310 13320 13330 13340 13350 13360 13370

>< SfaNI
>< MvnI
>< BstUI
>< Bsp50I
>< AciI
>< AccIISfaNI ><
>< SfcI >< MaeIII
>< Zsp2I
> < SfaNI
>< Mph1103I>< Tru9I
>< Ppu10I>< MaeII
>< NsiI> < FokI
>< EcoT22I >< MseI
>< AciI>< AvaIII >< DraI >< AciI >< Fnu4HI AciI ><
GTCTGCGGAT GCATCAACGT TTTTAAACGG GTTTGCGGTG TAAGTGCAGC CCGTCTTACA CCGTGC GGCA
13380 13390 13400 13410 13420 13430 13440

>< SpeI
>< ScaI
>< RsaI
>< RmaI
>< MaeI
> < Csp6I >< SfcI >< BspWI
>< BspWI >< AfaI >< AccI >< BcgI/a BcgI >
CAGGCACTAG TACTGATGTC GTCTACAGGG CTTTGTATAT TTACAACGAA AAAGTTGCTG GTTTTGCAAA
13450 13460 13470 13480 13490 13500 13510

>< ScrFI
>< MvaI
>< MnlI
>< EcoRII
>< Ecl136I
>< BstOI
>< BstNI
>< BslI
>< DsaV >< BsiYI
>< BsiLI
>< ApyI >< PleI
> < FokI >< HinfI
GTTCTAATAA ACTAATTGCT GTCGCTTCCA GGAGAAGGAT GAGGAAGGCA ATTTATTAGA CTCTTACTTT
13520 13530 13540 13550 13560 13570 13580

>< NlaIII
>< Ksp632I
>< EarI
>< Eam1104I
>< BsmAI >< Tru9I
>< MnlI >< Alw26I >< MboII >< MseI
GTAGTTAAGA GGCATACTAT GTCTAACTAC CAACATGAAG AGACTATTTA TAACTTGGTT AAAGATTGTC
13590 13600 13610 13620 13630 13640 13650

>< RsaI
>< NlaIV
> < NlaIII
>< KpnI
>< HphI
> < Eco64I
>< Csp6I
>< BscBI
> < BanI
> < Asp718

```

FIGURE 13.31

45/83

```

>< NspBII
>< AciI
CAGCGGTTGC TGTCCATGAC TTTTTC AAGT TTAGAGTAGA TGGTGACATG GTACCACATA TATCACGTCA
13660 13670 13680 13690 13700 13710 13720

>< MaeIII >< AfaI
> < AccB1I MaeII ><
> < Acc65I > < HgaI

>< MnlI
>< MaeII
GCGTCTAACT AAATACACAA TGGCTGATTT AGTCTATGCT CTACGTCATT TTGATGAGGG TAATTGTGAT
13730 13740 13750 13760 13770 13780 13790

>< Tru9I
>< MseI
ACATTAAAAG AAATACTCGT CACATACAAT TGCTGTGATG ATGATTATTT CAATAAGAAG GATTGGTATG
13800 13810 13820 13830 13840 13850 13860

>< ThaI
>< MvnI
>< MluI
>< BstUI
>< Bsp50I
>< RsaI
>< HphI
>< TfiI
>< HinfI
>< AflIII
>< AccII
>< DdeI
>< BfrI
>< Csp6I Tru9I ><
>< AfaI MseI ><
ACTTCGTAGA GAATCCTGAC ATCTTACGCG TATATGCTAA CTTAGGTGAG CGTGTCGCC AATCATTATT
13870 13880 13890 13900 13910 13920 13930

XhoII >
Sau3AI >
NdeII >
MflI >
MboI >
>< RsaI
>< Csp6I
>< BspWI
>< AfaI
>< SfaNI
>< RsaI
>< Csp6I
>< AfaI
>< SfaNI
AAAGACTGTA CAATTCTGCG ATGCTATGCG TGATGCAGGC ATTGTAGGCG TACTGACATT AGATAATCAG
13940 13950 13960 13970 13980 13990 14000

>< ScrFI
>< MvaI
>< Fnu4HI
>< EcoRII
>< Ecl136I
>< BstOI
>< BstNI
>< Tru9I
>< MseI
>< DpnI
>< Bsp143I
>< AlwI
>< RsaI
>< Csp6I
>< BsrI
>< AfaI
>< RsaI
>< HphI
>< Csp6I
>< BbvI
>< AfaI
>< DsaV
>< AciI
>< BslI
>< BsiYI
>< BsiLI
>< ApyI
GATCTTAATG GGAAGTGGTA CGATTTCGGT GATTTCGTAC AAGTAGCACC AGGCTGCGGA GTTCCTATTG
14010 14020 14030 14040 14050 14060 14070

>< SfaNI
>< RmaI
>< MnlI
>< MaeI
>< BbvI
>< BspWI NdeI ><
>< TfiI
>< HinfI
>< SfaNI
>< FokI
>< MamI
>< BsiBI
>< BsaBI
TGGATTGATA TTACTCATTG CTGATGCCCC TCCTCACTTT GACTAGGGCA TTGGCTGCTG AGTCCCATAT
14080 14090 14100 14110 14120 14130 14140

>< Sau3AI
>< NdeII

```

```

>< MboI
>< MamI
>< DpnII
>< DpnI
>< BspWI
>< BspAI
>< Bsp143I
>< BsiBI
>< BsaBI >< FokI
GGATGCTGAT CTCGCAAAAC CACTTATTAA GTGGGATTTG CTGAAATATG ATTTTACGGA AGAGAGACTT
14150      14160      14170      14180      14190      14200      14210

>< XcmI
>< Tru9I
>< MseI
>< SinI
>< Sau96I
>< NspIV
>< NspHII
>< NlaIV
>< TthHB8I
>< TaqI
>< McrI
>< Ksp632I
>< EarI
>< Eam1104I
>< BsmAI
>< MboII
>< Alw26I
TGTCTCTTCG ACCGTTATTT TAAATATTGG GACCAGACAT ACCATCCCAA TTGTATTAAC TGTTTGGATG
14220      14230      14240      14250      14260      14270      14280

>< Ksp632I
>< Eam1104I
>< BsmAI
>< EarI
>< Alw26I
>< SspI>< BscBI
>< Tru9I
>< Bme18I
>< MseI
>< AvaII
>< DraI
>< AsuI
>< MunI
>< MseI
>< SinI ><
>< Sau96I ><
>< NspIV ><
>< NspHII >
>< Eco47I ><
>< Cfr13I ><
>< BsiZI ><
>< Bme18I ><
>< AvaII ><
>< AsuI ><
>< FokI
>< MseI
ATAGGTGTAT CCTTCATTGT GCAAACCTTTA ATGTGTTATT TTCTACTGTG TTTCCACCTA CAAGTTTTGG
14290      14300      14310      14320      14330      14340      14350

>< SpeI
>< RmaI
>< MaeI
>< SspI
>< BsrI
ACCACTAGTA AGAAAAATAT TTGTAGATGG TGTTCCTTTT GTTGTTCCTCAA CTGGATACCA TTTTCGTGAG
14360      14370      14380      14390      14400      14410      14420

>< ThaI>< Esp3I
>< DdeI
>< BstUI
>< Bsp50I
>< MvnI>< BsmBI
>< RsaI
>< HinfI >< PheI
>< Csp6I
>< AfaI
>< HgaI>< AluI
>< FokI
>< AccII
>< BbvI
TTAGGAGTCG TACATAATCA GGATGTAAAC TTACATAGCT CGCGTCTCAG TTTCAAGGAA CTTTGTAGTG
14430      14440      14450      14460      14470      14480      14490

>< Zsp2I
>< SphI
>< Ppu10I
>< PaeI
>< NspI

```

FIGURE 13.33

47/83

```

>< Sau3AI      >< NspHI
>< NdeII       >< NsiI
>< MboI        >< NlaIII
>< DpnII       >< Mph1103I
> < DpnI      >< Fnu4HI
>< Fnu4HI>< BspWI >< EcoT22I
>< BspAI       >< BspWI
> < Bsp143I> < AvaIII > < AlwNI
>< AlwI        >< AluI    >< AluI    >< BbvI    >< MaeI
ATGCTGCTGA TCCAGCTATG CATGCAGCTT CTGGCAATTT ATTGCTAGAT AAACGCACTA CATGCTTTTC
14500      14510      14520      14530      14540      14550      14560

>< ScrFI
>< NciI
>< MspI
>< HpaII
>< HapII
>< Fnu4HI
>< AlwNI
>< AluI
AGTAGCTGCA CTAACAAACA ATGTTGCTTT TCAAACGTGTC AAACCCGGTA ATTTTAATAA AGACTTTTAT
14570      14580      14590      14600      14610      14620      14630

>< Tru9I
>< MseI
>< MboII
>< DsaV      >< Tru9I
>< BcnI      >< MseI
AGTAGCTGCA CTAACAAACA ATGTTGCTTT TCAAACGTGTC AAACCCGGTA ATTTTAATAA AGACTTTTAT
14570      14580      14590      14600      14610      14620      14630

>< FokI
>< Fnu4HI
AGGATGGCAA CGCTGCTATC AGTGATTATG ACTATTATCG TTATAATCTG CCAACAATGT GTGATATCAG
14710      14720      14730      14740      14750      14760      14770

>< VspI
>< Tru9I
>< MseI
>< AsnI
>< AseI
>< MaeIII
ACAACTCCTA TTCGTAGTTG AAGTTGTTGA TAAATACTTT GATTGTTACG ATGGTGGCTG TATTAATGCC
14780      14790      14800      14810      14820      14830      14840

>< Tru9I
>< MseI
>< PvuII
>< HpaI
>< HindII
>< HincII
>< Psp5I
>< NspBII
>< AluI
> < XcmI
>< Tru9I
>< MseI
RmaI ><
MaeI ><
AACCAAGTAA TCGTTAACAA TCTGGATAAA TCAGCTGGTT TCCCATTTAA TAAATGGGGT AAGGCTAGAC
14850      14860      14870      14880      14890      14900      14910

>< SfaNI
>< Sau3AI
>< NdeII
>< MboI
>< DpnII
>< DpnI
>< Bsp143I
>< PleI
>< HinfI>< MnlI
>< BspAI >< AlwI
>< ThaI
>< MvnI
>< BstUI
>< Bst1107I
>< BspWI >< FokI
>< Bsp50I
>< AccII>< DdeI
>< AccI
TTTATTATGA CTCAATGAGT TATGAGGATC AAGATGCACT TTTCGCGTAT ACTAAGCGTA ATGTCATCCC
14920      14930      14940      14950      14960      14970      14980

>< SstI
>< SduI
>< SacI

```

```

                                >< NspII
                                >< HgiAI
                                >< Eco24I
                                > < Ecl136II
                                >< Bsp1286I
                                >< BmyI
                                >< BanII
                                >< Alw21I
                                > < AluI >< AluI
                                >< BspWI
                                >< AflIII
                                >< Esp4I
                                >< HinfI
                                >< MseI
                                >< TfiI
                                >< Tru9I
TACTATAACT CAAATGAATC TTAAGTATGC CATTAGTGCA AAGAATAGAG CTCGCACCGT AGCTGGTGTC
14990      15000      15010      15020      15030      15040      15050

                                RmaI ><
                                > < MnlI
                                MaeI ><
                                >< Fnu4HI
                                >< AciI
TCTATCTGTA GTACTATGAC AAATAGACAG TTTCATCAGA AATTATTGAA GTCAATAGCC GCCACTAGAG
15060      15070      15080      15090      15100      15110      15120

                                >< Tru9I
                                >< MseI
GAGCTACTGT GGTAATTGGA ACAAGCAAGT TTTACGGTGG CTGGCATAAT ATGTTAAAAA CTGTTTACAG
15130      15140      15150      15160      15170      15180      15190

                                NspI ><
                                NspHI ><
                                NlaIII ><
                                >< NlaIII
                                DdeI ><
                                BspWI ><
                                BfrI ><
                                >< MaeIII
TGATGTAGAA ACTCCACACC TTATGGGTTG GGATTATCCA AAATGTGACA GAGCCATGCC TAACATGCTT
15200      15210      15220      15230      15240      15250      15260

                                > < Pali
                                > < HaeIII
                                > < BsuRI
                                > < BshI
                                >< MnlI
                                >< MaeIII
                                SfcI ><
AGGATAATGG CCTCTCTTGT TCTTGCTCGC AAACATAACA CTTGCTGTAA CTTATCACAC CGTTTCTACA
15270      15280      15290      15300      15310      15320      15330

                                Tru9I ><
                                ScrFI >
                                MvaI >
                                >< MseI
                                FokI ><
                                EcoRII ><
                                Ecl136I >
                                DsaV ><
                                BstOI >
                                BstNI >
                                BsiLI >
                                ApyI >
                                >< NlaIII
                                > < Fnu4HI
                                >< AciI
                                >< AluI
                                >< AviII >< MseI
GGTTAGCTAA CGAGTGTGCG CAAGTATTAA GTGAGATGGT CATGTGTGGC GGCTCACTAT ATGTTAAACC
15340      15350      15360      15370      15380      15390      15400

                                > < SfaNI
                                >< MspI
                                >< HpaII
                                >< HapII
                                >< HphI
                                >< BspWI
                                >< Tru9I
                                MaeIII ><
                                >< MseI
                                AluI ><

```

FIGURE 13.35

49/83

```

AGGTGGAACA TCATCCGGTG ATGCTACAAC TGCTTATGCT AATAGTGTCT TTAACATTTG TCAAGCTGTT
15410      15420      15430      15440      15450      15460      15470

>< BspWI                                     >< DrdI
ACAGCCAATG TAAATGCACT TCTTTCAACT GATGGTAATA AGATAGCTGA CAAGTATGTC CGCAATCTAC
15480      15490      15500      15510      15520      15530      15540

                                     >< AluI       > < AciI
                                     >< Sau3AI
                                     >< NdeII
                                     >< MboI
                                     > < MamI
                                     >< FbaI
                                     >< DpnII
                                     >< DpnI
                                     >< BspHI
                                     >< BspAI
                                     >< Bsp143I
                                     >< BsiQI
                                     > < BsiBI>< NlaIII
                                     > < BsaBI>< FokI
                                     >< BclI>< EcoRI
AACACAGGCT CTATGAGTGT CTCTATAGAA ATAGGGATGT TGATCATGAA TTCGTGGATG AGTTTTACGC
15550      15560      15570      15580      15590      15600      15610
                                     FokI ><

                                     >< TfiI
                                     >< SfaNI
                                     >< NlaIII
                                     >< HinfI
                                     >< BspMI
TTACCTGCGT AAACATTTCT CCATGATGAT TCTTTCTGAT GATGCCGTTG TGTGCTATAA CAGTAACTAT
15620      15630      15640      15650      15660      15670      15680
                                     > < RmaI
                                     >< NheI >< Tru9I
                                     > < MaeI       >< Tru9I
>< Fnu4HI                                     >< AluI >< MseI   >< MseI
>< AciI                                     >< MnlI ><
GCGGCTCAAG GTTTAGTAGC TAGCATTAA AACTTTAAGG CAGTTCTTTA TTATCAAAAT AATGTGTTCA
15690      15700      15710      15720      15730      15740      15750

                                     >< SinI
                                     >< Sau96I
                                     >< PssI
                                     >< Psp5II
                                     >< PpuMI
                                     >< NspIV
                                     >< NspHII
                                     >< EcoO109I
                                     >< Eco47I
                                     >< DraII
                                     >< Cfr13I
                                     >< BsiZI
                                     >< Bme18I
                                     >< AvaII
                                     >< AsuI       >< MnlI
TGTCTGAGGC AAAATGTTGG ACTGAGACTG ACCTTACTAA AGGACCTCAC GAATTTTGCT CACAGCATAC
15760      15770      15780      15790      15800      15810      15820

                                     >< XhoII
                                     >< Sau3AI
                                     >< NdeII
                                     >< MflI
                                     >< MboI

```

```

                                >< RsaI          >< DpnII
                                >< MaeII        >< DpnI
                                >< Csp6I        >< BstYI   > < SspI
                                >< BsaAI        >< BspMI   HinP1I ><
                                >< AflIII       >< BspAI   Hin6I  ><
                                >< AfaI        >< AlwI>< Bsp143I HhaI  ><
                                >< BspWI>< MseI   >< Bsp143I CfoI  ><
AATGCTAGTT AAACAAGGAG ATGATTACGT GTACCTGCCT TACCCAGATC CATCAAGAAT ATTAGGCGCA
15830      15840      15850      15860      15870      15880      15890

                                >< RsaI          >< SfaNI
                                >< Csp6I        >< MaeIII
                                >< AfaI        BsrI  ><
GGCTGTTTTG TCGATGATAT TGTCAAACA GATGGTACAC TTATGATTGA AAGGTTCTGT TCACTGGCTA
15900      15910      15920      15930      15940      15950      15960

> < FokI
>< BspWI
TTGATGCTTA CCCACTTACA AAACATCCTA ATCAGGAGTA TGCTGATGTC TTTCATTGT ATTTACAATA
15970      15980      15990      16000      16010      16020      16030

                                >< Van91I
                                >< PflMI
                                >< NspI
                                > < Pali>< NspHI
                                > < MscI>< NlaIII
                                > < HaeIII
                                > < BsuRI
                                >< BsrI
                                >< EaeI   >< BslI   >< NspI
                                > < BshI>< BsiYI >< NspHI
                                >< NlaIII   >< AflIII >< AflIII
                                >< MaeIII   >< AluI  > < BalI>< AccB7I >< NlaIII
CATTAGAAAG TTACATGATG AGCTTACTGG CCACATGTTG GACATGTATT CCGTAATGCT AACTAATGAT
16040      16050      16060      16070      16080      16090      16100

                                >< RsaI> < NlaIV
                                >< MnlI
                                >< Csp6I   >< DdeI
                                >> BsrI >< MnlI
                                >< AfaI> < BscBI
AACACCTCAC GGTACTGGGA ACCTGAGTTT TATGAGGCTA TGTACACACC ACATACAGTC TTGCAGGCTG
16110      16120      16130      16140      16150      16160      16170

                                >< NlaIV
                                >< EcoNI
                                >< Eco31I
                                >< Eco64I>< BsmAI
                                >< BscBI >< BslI
                                >< BanI   >< BsiYI
                                >< AciI   >< BsaI
                                >< AccB1I>< Alw26I BbvI ><
>< BspWI
TAGGTGCTTG TGTATTGTGC AATTCACAGA CTTCACTTCG TTGCGGTGCC TGTATTAGGA GACCATTCCCT
16180      16190      16200      16210      16220      16230      16240

                                >< Tth111I
                                >< Fnu4HI   >< NlaIII
                                >< BspWI >< AspI
ATGTTGCAAG TGCTGCTATG ACCATGTCAT TTCAACATCA CACAAATTAG TGTTGTCTGT TAATCCCTAT
16250      16260      16270      16280      16290      16300      16310

                                >< ScrFI
                                >< MvaI

```

FIGURE 13.37

51/83

```

>< EcoRII
>< Ecl136I
>< DsaV
>< BstOI
>< BstNI
>< BsiII
>< BsaJI
>< ApyI
>< MaeIII >< MaeIII
>< MaeI
>< RmaI
>< MnlI
BspWI ><
>< AluI
GTTTGCAATG CCCCAGGTTG TGATGTCAC TATGTGACAC AACTGTATCT AGGAGGTATG AGCTATTATT
16320 16330 16340 16350 16360 16370 16380

>< MaeIII >< MnlI
GCAAGTCACA TAAGCCTCCC ATTAGTTTTTC CATTATGTGC TAATGGTCAG GTTTTTGGTT TATACAAAAA
16390 16400 16410 16420 16430 16440 16450

>< NspI
>< NspHI > < Tth111I
>< NlaIII>< MaeIII>< MaeIII
>< AflIII >< AspI
>< AflIII
CACATGTGTA GGCAGTGACA ATGTCAC TCAATGCG ATAGCAACAT GTGATTGGAC TAATGCTGGC
16460 16470 16480 16490 16500 16510 16520

>< RsaI
>< PleI
>< DdeI
>< Csp6I
>< BsmAI >< HinfI
>< Alw26I >< HindIII
>< AfaI >< AluI >< Fnu4HI >< BbvI
GATTACATAC TTGCCAACAC TTGTACTGAG AGACTCAAGC TTTTCGCAGC AGAAACGCTC AAAGCCACTG
16530 16540 16550 16560 16570 16580 16590

> < ThaI
>< ScaI
>< RsaI >< RsaI
> < MvnI
>< Csp6I >< Csp6I
> < BstUI
> < Bsp50I
> < AfaI >< AfaI
> < AccII
AGGAAACATT TAAGCTGTCA TATGGTATTG CCACTGTACG CGAAGTACTC TCTGACAGAG AATTGCATCT
16600 16610 16620 16630 16640 16650 16660

MaeIII ><
>< MaeIII
>< EcoO65I
>< Eco91I
>< BstPI
>< BstEII
>< BsrI
TTCATGGGAG GTTGGAAAC CTAGACCACC ATTGAACAGA AACTATGTCT TTACTGGTTA CCGTGTAAC
16670 16680 16690 16700 16710 16720 16730

RsaI ><
>< MnlI
>< HphI
>< SfaNI
>< Csp6I
>< AfaI
>< AfaI
>< AfaI
>< MaeIII
>< HphI AfaI ><
AAAAATAGTA AAGTACAGAT TGGAGAGTAC ACCTTTGAAA AAGGTGACTA TGGTGATGCT GTTGTGTACA
16740 16750 16760 16770 16780 16790 16800

```

```

    >< RsaI
    >< Csp6I
    >< AfaI
GAGGTACTAC GACATACAAG TTGAATGTTG GTGATTACTT TGTGTTGACA TCTCACACTG TAATGCCACT
16810      16820      16830      16840      16850      16860      16870

    >< HphI
    >< HindII
    >< HincII
    DdeI ><
    BfrI ><

    >< VneI
    >< SnoI
    >< SduI
    >< NspII
    >< HgiAI
    > < SduI
    > < NspII
    >< DraIII
    >< Bsp1286I
    >< BmyI
    >< BspWI
    >< DraIII
    >< RsaI
    >< Csp6I
    >< ApaLI
    >< RmaI
    >< Bsp1286I
    >< BmyI
    >< BsrI
    >< Alw44I
    >< MaeI
    >< Alw21I
    >< AfaI
    DdeI >
TAGTGACCT ACTCTAGTGC CACAAGAGCA CTATGTGAGA ATTACTGGCT TGTACCCAAC ACTCAACATC
16880      16890      16900      16910      16920      16930      16940

    StyI ><
    SinI >
    Sau96I >
    NspIV >
    EcoT14I ><
    Eco47I >
    Eco130I ><
    >< ScaI
    Cfr13I >
    BssT1I ><
    >< SphI
    >< RsaI
    BsiZl >
    >< PaeI
    BsaJI ><
    >< NlaIII
    Bme18I >
    >< NspI
    >< Csp6I
    AvaII >
    >< NspHI
    >< AfaI
    AsuI >
TCAGATGAGT TTTCTAGCAA TGTTGCAAAT TATCAAAAGG TCGGCATGCA AAAGTACTCT AACTCCAAG
16950      16960      16970      16980      16990      17000      17010

    >< ScrFI
    >< RsaI
    >< MvaI
    >< EcoRII
    >< Ecl136I
    > < Csp6I
    >< BstOI
    >< BstNI
    >< XcmI
    >< BslI
    >< NspHII
    >< BsiYI
    >< BsiLI
    >< ApyI
    >< BsrI
    >< DsaV
    >< AfaI
    > < HinfI
    >< P1eI
GACCACCTGG TACTGGTAAG AGTCATTTTG CCATCGGACT TGCTCTCTAT TACCCATCTG CTCGCATAGT
17020      17030      17040      17050      17060      17070      17080

    >< SfaNI
    >< SphI
    >< PvuII
    >< PaeI
    >< Psp5I
    >< NspI
    >< NspBII
    >< NspHI
    >< Fnu4HI
    > < Tru9I
    >< Bst1107I
    > < NlaIII
    >< BspWI
    >< SspI
    >< AccI
    >< NlaIII
    >< AluI
    >< BbvI
    > < MseI
GTATACGGCA TGCTCTCATG CAGCTGTTGA TGCCCTATGT GAAAAGGCAT TAAAATATTT GCCCATAGAT
17090      17100      17110      17120      17130      17140      17150

```

FIGURE 13.39

53/83

```

> < Thai
>< Thai
> < MvnI
>< MvnI >< Thai
> < HinPII
>< HinPII
>< HinPII >< MvnI
> < Hin6I
>< Hin6I
> < HhaI
>< HhaI >< HhaI
> < CfoI
>< CfoI >< CfoI
> < BstUI
>< BstUI >< BstUI
>< BssHII
>< BspMI
> < Bsp50I
>< Bsp50I>< Bsp50I
>< TfiI >< Hin6I> < AccII
>< HinfI >< AccII >< AccII
>< EcoRI
AAATGTAAGTA GAATCATACC TGC GCGTAGAGT GTTTGTGATAA ATTCAAAGTG AATTCAACAC
17160 17170 17180 17190 17200 17210 17220

>< Zsp2I
>< Ppu10I
>< NsiI
>< Mph1103I
>< EcoT22I
>< BsgI > < AvaIII >< DrdI
TAGAACAGTA TGTTTTCTGC ACTGTAAATG CATTGCCAGA AACAACTGCT GACATTGTAG TCTTTGATGA
17230 17240 17250 17260 17270 17280 17290

>< RmaI
>< MaeI >< MaeII
AATCTCTATG GCTACTAATT ATGACTTGAG TGTTGTCAAT GCTAGACTTC GTGCAAAACA CTACGTCTAT
17300 17310 17320 17330 17340 17350 17360

>< Sau3AI
>< NdeII
>< MboI
>< DpnII
>< DpnI
>< BspAI
>< AlwI>< Bsp143I > < AciI >< RmaI
>< MaeI SspI ><
ATTGGCGATC CTGCTCAATT ACCAGCCCC CGCACATTGC TGAATAAGG CACACTAGAA CCAGAATATT
17370 17380 17390 17400 17410 17420 17430

>< SniI
>< Sau96I
>< NspIV >< StyI
>< NspHII >< NspI
>< Eco47I >< NspHI
>< Cfr13I >< NlaIII
>< Bsi2I >< EcoT14I
>< BsgI >< Eco130I
>< Bme18I >< BssT1I
>< AvaII >< BsaJI
>< AsuI> < AflIII
>< Tru9I
>< MseI
TTAATTCAGT GTGCAGACTT ATGAAAACAA TAGGTCCAGA CATGTTTCCTT GGAAGTTGTC GCCGTTGTCC
17440 17450 17460 17470 17480 17490 17500

```

```

      >< HindII
      >< HincII
      >< AluI
TGCTGAAATT GTTGACACTG TGAGTGCTTT AGTTTATGAC AATAAGCTAA AAGCACACAA GGATAAGTCA
  17510      17520      17530      17540      17550      17560      17570

>< AluI
GCTCAATGCT TCAAAATGTT CTACAAAGGT GTTATTACAC ATGATGTTTC ATCTGCAATC AACAGACCTC
  17580      17590      17600      17610      17620      17630      17640

      >< NlaIII

      >< MnlI
>< EcoNI
      >< BslI
      >< BsiYI
      >< HphI
      >< AluI
AAATAGGCGT TGTAAGAGAA TTTCTTACAC GCAATCCTGC TTGGAGAAAA GCTGTTTTTA TCTCACCTTA
  17650      17660      17670      17680      17690      17700      17710

      >< SfcI
      >< DdeI
      >< TfiI
      >< AluI
      >< BfrI
      >< HinfI
TAATTCACAG AACGCTGTAG CTTCAAAAAT CTTAGGATTG CCTACGCAGA CTGTTGATTC ATCACAGGGT
  17720      17730      17740      17750      17760      17770      17780

      >< HindII
      >< HincII
      >< AciI
      >< Tth111I
      >< AspI
TCTGAATATG ACTATGTCAT ATTCACACAA ACTACTGAAA CAGCACACTC TTGTAATGTC AACCGCTTCA
  17790      17800      17810      17820      17830      17840      17850

      >< XhoII
      >< Sau3AI
      >< NdeII
      >< MflI
      >< MboI
      >< MamI
      >< DpnII
      >< DpnI
      >< BstYI
      >< BspAI
      >< Bsp143I
      >< BsiBI
      >< BsaBI
      >< BglII
      >< BspWI
ATGTGGCTAT CACAAGGGCA AAAATTGGCA TTTTGTGCAT AATGTCTGAT AGAGATCTTT ATGACAAACT
  17860      17870      17880      17890      17900      17910      17920

      >< XbaI
      >< RmaI
      >< MaeI
      >< MaeII
      >< MaeIII
      >< BsrI ><
GCAATTTACA AGTCTAGAAA TACCACGTCG CAATGTGGCT ACATTACAAG CAGAAAATGT AACTGGACTT
  17930      17940      17950      17960      17970      17980      17990

      >< Sau3AI
      >< NdeII
      >< MboII
      >< MboI
      >< FokI
      >< DpnII
      >< DpnI
      >< BspAI
      >< Bsp143I
      >< NlaIV
      >< Eco64I
      >< BscBI
      >< BanI
      >< AccBI
      >< MnlI ><
      >< Tru9I
      >< MseI>< SfcI
      >< BbsI >< BsrI
      >< DdeI

```

FIGURE 13. 41

55/83

```

TTTAAGGACT GTAGTAAGAT CATTACTGGT CTTCATCCTA CACAGGCACC TACACACCTC AGCGTTGATA
18000      18010      18020      18030      18040      18050      18060

      >< ScrFI
      >< MvaI
      >< EcoRII
      >< Eco57I
      >< Ecl136I
      >< DsaV
      >< BstOI
      >< BstNI
      >< HindII>< BsiLI
      >< HincII>< ApyI
      >< PleI
      >< NlaIII
      HinfI ><
      AccI ><
TAAAGTTCAA GACTGAAGGA TTATGTGTTG ACATACCAGG CATAACAAAG GACATGACCT ACCGTAGACT
18070      18080      18090      18100      18110      18120      18130

      >< MaeIII
      >< EcoO651
      >< Eco91I
      >< BstXI
      >< BstPI
      >< BstEII
      >< HphI
      >< Bsp50I
      >< AccII
      >< ThaI
      >< MvnI
      >< BstUI
      >< AccII ><
CATCTCTATG ATGGGTTTCA AAATGAATTA CCAAGTCAAT GGTTACCCTA ATATGTTTAT CACCCGCGAA
18140      18150      18160      18170      18180      18190      18200

      >< XmnI
      > < MboII
      > < MaeIII
      >< Asp700I
      >< AluI
      >< MaeII
      >< MnII
      >< SfaNI
      >< RmaI
      >< NlaIII
      >< MaeI
GAAGCTATTC GTCACGTTTCG TGCCTGGATT GGCTTTGATG TAGAGGGCTG TCATGCAACT AGAGATGCTG
18210      18220      18230      18240      18250      18260      18270

      >< Tru9I
      >< MseI
      >< HpaI
      >< HindII
      >< HincII
      >< DdeI
      >< BfrI
      >< RsaI
      >< Csp6I
      >< AluI
      >< BsrI
      >< AfaI
      >< RmaI
      >< MnII
      >< MaeI
      >< AluI
      >< SfcI
      >< BfrI
      >< AfaI
TGGGTACTAA CCTACCTCTC CAGCTAGGAT TTTCTACAGG TGTAACTTA GTAGCTGTAC CGACTGGTTA
18280      18290      18300      18310      18320      18330      18340

      >< ScrFI
      >< MvaI
      >< MnII
      >< MaeIII
      >< EcoRII
      >< EcoO651
      >< EcoNI
      >< Eco91I
      >< Ecl136I
      >< DsaV
      >< Tru9I
      >< DraIII
      >< BstPI
      >< BstOI
      >< BstNI
      >< BstEII
      >< BsiI
      >< MseI
      >< BsiII
      >< HphI
      >< BsiLI
      >< DraI
      >< ApyI
      >< BsrI

      >< HindII
      >< HincII
      >< HphI
      >< EcoRI
      >< Tru9I
      >< MseI

```

FIGURE 13 A2

56/83

```

TGTTGACACT GAAAATAACA CAGAATTCAC CAGAGTTAAT GCAAAACCTC CACCAGGTGA CCAGTTTAAA
18350      18360      18370      18380      18390      18400      18410

                >< ScrFI
                >< MvaI
                >< EcoRII
                >< Ecl136I
                >< DsaV
                >< BstOI
                >< BstNI
                >< BsiLI
                >< BsaJI
                >< ApyI
                >< NlaIII
                >< RsaI
                >< DdeI ><
                >< Tru9I>< Csp6I
                >< MseI >< AfaI
CATCTTATAC CACTCATGTA TAAAGGCTTG CCCTGGAATG TAGTGCGTAT TAAGATAGTA CAAATGCTCA
18420      18430      18440      18450      18460      18470      18480

                >< NlaIII
                >< HinPII
                >< Tth111I
                >< Hin6I
                >< HinfI
                >< HhaI
                >< AspI
                >< PleI
                >< CfoI
                >< AluI
GTGATACACT GAAAGGATTG TCAGACAGAG TCGTGTTTCGT CCTTTGGGCG CATGGCCTTG AGCTTACATC
18490      18500      18510      18520      18530      18540      18550

                >< SinI
                >< Sau96I
                >< NspIV
                >< NspHII
                >< Eco47I
                >< Cfr13I
                >< ScaI
                >< BsiZI
                >< Bme18I
                >< RsaI
                >< AvaII
                >< MaeII
                >< Csp6I
                >< AsuI
                >< AflIII
                >< MaeIII>< MaeII
                >< AfaI
AATGAAGTAC TTTGTCAAGA TTGGACCTGA AAGAACGTGT TGTCTGTGTG ACAAACGTGC AACTTGCTTT
18560      18570      18580      18590      18600      18610      18620

                >< TfiI
                >< Tth111I
                >< HinfI
                >< AspI
TCTACTTCAT CAGATACTTA TGCCTGCTGG AATCATTCTG TGGGTTTTGA CTATGTCTAT AACCCATTTA
18630      18640      18650      18660      18670      18680      18690

                >< ScrFI
                >< RsaI ><
                >< MvaI
                >< EcoRII
                >< Ecl136I ><
                >< DsaV
                >< Csp6I ><
                >< BstXI ><
                >< MaeIII
                >< BstOI
                >< EcoO65I
                >< BstNI
                >< Eco91I
                >< BsiLI
                >< BstPI
                >< ApyI
                >< Eco57I> < BstEII
                >< MaeIII >< NlaIII
                >< AfaI ><
TGATTGATGT TCAGCAGTGG GGCTTTACGG GTAACCTTCA GAGTAACCAT GACCAACATT GCCAGGTACA
18700      18710      18720      18730      18740      18750      18760

                >< SfaNI
                >< RmaI
                >< NspI
                >< NspHI

```

FIGURE 13.43

57/83

```

                >< NlaIII
                >< MaeI
    >< NlaIII    >< BspWI
    > < AflIII
TGGAAATGCA CATGTGGCTA GTTGTGATGC TATCATGACT AGATGTTTAG CAGTCCATGA GTGCTTTGTT
18770      18780      18790      18800      18810      18820      18830

                >< RmaI
                >< NlaIII
                >< MaeI
                Tru9I ><
                NlaIII
                MseI ><
                >< BspHI
                >< EcoNI> < MnlI
                >< BslI
                >< BsiYI
                >< DdeI >< MseI
                >< Tru9I
                >< AccII
AAGCGCGTTG ATTGGTCTGT TGAATACCTT ATTATAGGAG ATGAAGTGGG GGTAAATTCT GCTTGCAGAA
18840      18850      18860      18870      18880      18890      18900

    >< RsaI
    >< Csp6I
    >< AfaI
    >< NlaIII
    >< BspWI
    >< MboII
    > < NlaIII
    >< BsrI
    >< BspHI
AAGTACAACA CATGGTTGTG AAGTCTGCAT TGCTTGCTGA TAAGTTTCCA GTTCTTCATG ACATTGGAAA
18910      18920      18930      18940      18950      18960      18970

                >< SauI
                >< MstII
                >< Eco81I
                >< DdeI
                >< CvnI
                >< Bsu36I
                >< Bse21I
                >< AxyI
                >< AocI
                >< MnlI
                >< SfaNI
                >< Bpu1102I
                NlaIII ><
                >< EspI
                >< Eco57I
                MaeIII ><
                >< DdeI
                >< CelII
                >< Bpu1102I
TCCAAAGGCT ATCAAGTGTG TGCCTCAGGC TGAAGTAGAA TGGAAGTTCT ACATGCTCA GCCATGTAGT
18980      18990      19000      19010      19020      19030      19040

    >< MnlI
    >< Ksp632I
    >< HindIII
    >< EarI
    >< AluI
    >< MboII
    >< Eam1104I
GACAAAGCTT ACAAATAGA GGAAGTCTTC TATTCTTATG CTACACATCA CGATAAATTC ACTGATGGTG
19050      19060      19070      19080      19090      19100      19110

                >< Sau3AI
                >< NdeII
                >< MboI
                >< MaeII> < MaeIII
                >< DpnII
                >< DpnI
                >< BspAI
                >< MaeIII
                >< Bsp143I
                >< MunI
                HinfI >
                DrdI ><
TTTGTGTTGTT TTGGAATTGT AACGTTGATC GTTACCCAGC CAATGCAATT GTGTGTAGGT TTGACACAAG
19120      19130      19140      19150      19160      19170      19180

                Zsp2I ><
                >< SphI
                > < Ppu10I
                >< PaeI
                >< NspI
                >< NspHI
                >< NlaIII
                Mph1103I ><
                >< ScrFI
                >< MvaI
                >< EcoRII

```

58/83

```

                >< Ecl136I
                >< DsaV
                >< BstOI
                >< BstNI
                >< BsiLI
                >< ApyI
                >< PleI
AGTCTTGTCA AACTTGAAGT TACCAGGCTG TGATGGTGGT AGTTTGTATG TGAATAAGCA TGCATTCCAC
19190      19200      19210      19220      19230      19240      19250

                >< Tru9I
                > < MunI
                >< MseI
                >< DraI
                >< BcgI
                >< TthHB8I
                >< BcgI/a >< TaqI
                >< AluI
ACTCCAGCTT TCGATAAAAG TGCATTTACT AATTTAAAGC AATTGCCTTT CTTTACTAT TCTGATAGTC
19260      19270      19280      19290      19300      19310      19320

                >< PleI
                >< NlaIII
                >< BsmAI
                >< Hinfi>< Alw26I
                >< SfaNI ><
                >< MaeII
                >< BsaAI ><
                >< AflIII ><
CTTGTGAGTC TCATGGCAAA CAAGTAGTGT CGGATATTGA TTATGTTCCA CTCAAATCTG CTACGTGTAT
19330      19340      19350      19360      19370      19380      19390

                >< Zsp2I >
                >< ScaI
                >< Ppu10I ><
                >< RsaINsiI >
                >< Mph1103I >
                >< SfaNIEcoT22I >
                > < RsaI >< Csp6I
                >< Csp6I
                >< NlaIII> < AfaI >< AfaI
                >< AvaIII ><
TACACGATGC AATTTAGGTG GTGCTGTTTG CAGACACCAT GCAAATGAGT ACCGACAGTA CTTGGATGCA
19400      19410      19420      19430      19440      19450      19460

                >< FokI
TATAATATGA TGATTCTGTC TGGATTAGC CTATGGATTT ACAAACAATT TGATACTTAT AACCTGTGGA
19470      19480      19490      19500      19510      19520      19530

                >< ScrFI
                >< MvaI
                >< MaeIII
                >< EcoRII
                >< Ecl136I
                >< DsaV
                >< BstOI
                >< BstNI
                >< BsiLI
                >< ApyI
                >< Tru9I
                >< MseI
ATACATTTAC CAGGTTACAG AGTTTAGAAA ATGTGGCTTA TAATGTTGTT AATAAAGGAC ACTTTGATGG
19540      19550      19560      19570      19580      19590      19600

                >< SgrAI
                >< NaeI
                >< MspI
                >< HpaII
                >< HapII
                >< Cfr10I
                >< BspWI
                > < VspI
                > < Tru9I
                > < MseI
                > < AsnI
                > < AseI
ACACGCCGGC GAAGCACCTG TTTCCATCAT TAATAATGCT GTTTACACAA AGGTAGATGG TATTGATGTG
19610      19620      19630      19640      19650      19660      19670

```

FIGURE 13. 45

59/83

```

>< XhoII
>< Sau3AI
>< NdeII
>< MflI
>< MboI
>< DpnII
>< DpnI
>< BstYI
>< BspAI
>< Bsp143I
>< BglII
GAGATCTTTG AAAATAAGAC AACACTTCCT GTTAATGTTG CATTTGAGCT TTGGGCTAAG CGTAACATTA
19680 19690 19700 19710 19720 19730 19740

>< MaeIII
>< EspI
>< DdeI>Tru9I ><
>< CeliIMseI ><
>< Bpu1102I
>< Fnu4HI
>< BsrI
>< Tru9I
>< MseI
>< BbvI
>< EcoRV
>< Eco32I
AACCAGTGCC AGAGATTAAG ATACTCAATA ATTTGGGTGT TGATATCGCT GCTAATACTG TAATCTGGGA
19750 19760 19770 19780 19790 19800 19810

>< NspI
>< NspHI
>< NlaIII
>< BsgI
>< AflIII
CTACAAAAGA GAAGCCCCAG CACATGTATC TACAATAGGT GTCTGCACAA TGACTGACAT TGCCAAGAAA
19820 19830 19840 19850 19860 19870 19880

>< DdeI>> MboII
>< AccI
CCTACTGAGA GTGCTTGTTT TTTCACTTACT GTCTTGTTTG ATGGTAGAGT GGAAGGACAG GTAGACCTTT
19890 19900 19910 19920 19930 19940 19950

SinI ><
Sau96I ><
NspIV ><
NspHII ><
NlaIV ><
Eco47I ><
Cfr13I ><
>< BslI
BsiZI ><
>< BsiYI
BscBI ><
Bme18I ><
AvaII ><
AsuI ><
>< Tru9I
>< MseI
TTAGAAACGC CCGTAATGGT GTTTTAATAA CAGAAGGTTC AGTCAAAGGT CTAACACCTT CAAAGGGACC
19960 19970 19980 19990 20000 20010 20020

>< VspI
>< Tru9I
>< P1eI
>< MseI
>< RmaI
>< NheI
>< MaeI
>< HinfI>> AluI
>< HinfI>> AseI
>< TfiI
>< MseI
AGCACAAGCT AGCGTCAATG GAGTCACATT AATTGGAGAA TCAGTAAAAA CACAGTTTAA CTACTTTAAG
20030 20040 20050 20060 20070 20080 20090

>< DdeI >< MnlI Tru9I ><
>< BsmAI >< DdeI

```

60/83

```

    >< AccI
AAAGTAGACG GCATTATTCA ACAGTTGCCT GAAACCTACT TTA CTCAGAG CAGAGACTTA GAGGATTTTA
    20100      20110      20120      20130      20140      20150      20160

    >< Alw26I >< BfrIMseI ><
    >< TthHB8I
    >< TaqI
    >< SstI
    >< SduI
    >< SacI
    > < PaeR7I
    > < NspIII
    >< NspII
    >< HgiAI
    > < Eco88I
    > < XhoI>< Eco24I
    >< Ecl136II
    > < SlaI>< Bsp1286I
    > < CcrI>< BmyI
    > < BcoI>< BanII
    > < Ama87I
    > < AvaI>< Alw21I
    >< XcmI
    >< Sau3AI
    >< NdeII
    >< MboI
    >< DpnII
    >< DpnI
    >< BspAI
    >< Bsp143I
    >< EcoRI >< FokI>< AluI ><
AGCCCAGATC ACAAATGGAA ACTGACTTTC TCGAGCTCGC TATGGATGAA TTCATACAGC GATATAAGCT
    20170      20180      20190      20200      20210      20220      20230

    >< TthHB8I
    >< TaqI
    >< SfuI
    >< NspV
    >< LspI
    >< Csp45I
    >< BstBI
    >< Bsp119I
    >< BsiCI
    >< Bpu14I
    >< AsuII >< BcgI
    >< MboII
    >< BbsI Tru9I ><
    >< NlaIII >< AciIMseI ><
CGAGGGCTAT GCCTTCGAAC ACATCGTTTA TGGAGATTTC AGTCATGGAC AACTTGGCGG TCTTCATTTA
    20240      20250      20260      20270      20280      20290      20300

    >< HphI
    >< HinPII
    >< Hin6I
    >< EspI > < HhaI >< TfiI
    >< DdeI >< HaeII
    >< CelII >< Eco47III >< Tru9I
    >< Bpu1102I > < CfoI >< HinfI >< MseI
    >< BfrI >< Bsp143II >< MnlI
ATGATAGGCT TAGCCAAGCG CTCACAAGAT TCACCACTTA AATTAGAGGA TTTTATCCCT ATGGACAGCA
    20310      20320      20330      20340      20350      20360      20370

    >< MstI
    >< HinPII
    >< Hin6I
    >< HhaI
    >< FspI
    >< FdiII
    >< CfoI
    >< SfaNI >< AviII
    >< Sau3AI ><
    >< NdeII ><
    >< MboI ><
    >< DpnII ><
    >< DpnI ><
    >< BspAI ><
    >< Bsp143I ><
CAGTGAAAAA TTA CTTCATA ACAGATGCGC AAACAGGTTC ATCAAAATGT GTGTGTTCTG TGATTGATCT
    20380      20390      20400      20410      20420      20430      20440

    >< TthHB8I

```

FIGURE 13.47

61/83

```

      >< Tth111I
      >< TaqI
      >< AspI          > < MaeIII          MaeIII ><
TTTACTTGAT GACTTTGTCG AGATAATAAA GTCACAAGAT TTGTCAGTGA TTTCAAAAGT GGTCAAGGTT
20450      20460      20470      20480      20490      20500      20510

      >< NspI
      >< NspHI
      >< NlaIII
      >< FokI

>< MunI          > < NlaIII          >< AflIII
ACAATTGACT ATGCTGAAAT TTCATTTCATG CTTTGGTGTA AGGATGGACA TGTTGAAACC TTCTACCCAA
20520      20530      20540      20550      20560      20570      20580

      >< SfaNI
      >< ScrFI
      >< MvaI
      >< EcoRII
      >< Ecl136I
      >< DsaV
      >< BstOI          >< SfaNI
      >< BstNI          >< RsaI BspWI ><
      >< BsiLI          > < Csp6I BsmI >
      >< BspWI          >< ApyI          >< AfaI BscCI ><
AACTACAAGC AAGTCAAGCG TGGCAACCAG GTGTTGCGAT GCCTAACTTG TACAAGATGC AAAGAATGCT
20590      20600      20610      20620      20630      20640      20650

>< Eco57I >< MaeIII          >< HphI
TCTTGAAAAG TGTGACCTTC AGAATTATGG TGAAAATGCT GTTATACCAA AAGGAATAAT GATGAATGTC
20660      20670      20680      20690      20700      20710      20720

      > < RsaI
      >< Csp6I
      >< Bst1107I          >< Tru9I          >< AluI
      >< AccI          >< MseI          > < AfaINlaIII ><
GCAAAGTATA CTCAACTGTG TCAATACTTA AATACACTTA CTTTAGCTGT ACCCTACAAC ATGAGAGTTA
20730      20740      20750      20760      20770      20780      20790

      >< ScrFI
      >< RsaI
      >< MvaI
      >< EcoRII >< NspBII
      >< Ecl136I          >< SduI
      > < Csp6I          >< NspII
      >< BstOI >< PvuII >< HgiAI
      >< BstNI          >< DdeI
      >< BsiLI >< Psp5I >< Bsp1286I
      >< ApyI >< AluI >< BmyI
      >< DsaV >< AfaI          >< Alw21I
TTCACTTTGG TGCTGGCTCT GATAAAGGAG TTGCACCAGG TACAGCTGTG CTCAGACAAT GGTGCGCAAC
20800      20810      20820      20830      20840      20850      20860

      >< XhoII
      >< Tru9I
      >< Sau3AI
      >< NdeII
      >< TthHB8I >< MseI
      >< MflI
      >< MboI
      >< MamI
      >< DpnII
      >< TfiI >< DpnI

```

FIGURE 13.49

63/83

```

                                >< Zsp2I
                                >< SphI
                                >< Ppu10I
                                >< PaeI
                                >< NspI
                                >< NspHI
                                >< NsiI
                                >< NlaIII
                                > < NlaIII
                                >< Mph1103I
                                >< EcoT22I
                                > < AvaIII >< MnlI
GGGCTAACTA TCTTGGCAAG CCGAAGGAAC AAATTGATGG CTATACCATG CATGCTAACT ACATTTTCTG
 21220      21230      21240      21250      21260      21270      21280

                                >< MboII
                                >< GsuI
                                >< BsrI
                                >< BpmI
                                >< BbsI
                                >< NlaIII
                                >< MnlI
GAGGAACACA AATCCTATCC AGTTGTCTTC CTATTCACCTC TTTGACATGA GCAAATTTCC TCTTAAATTA
 21290      21300      21310      21320      21330      21340      21350

                                >< Tru9I
                                >< MseI
                                >< Esp4I> < TfiI
                                >< BsmAI
                                >< Alw26I
                                >< AflIII> < HinfI
                                >< MboII >< EarI
                                >< Ksp632I ><
                                >< Eam1104I ><
AGAGGAACTG CTGTAATGTC TCTTAAGGAG AATCAAATCA ATGATATGAT TTATTCTCTT CTGGAAAAAG
 21360      21370      21380      21390      21400      21410      21420

                                >< Tru9I
                                >< MseI
                                >< HindII
                                >< HincII
                                >< HpaI AflIII >
GTAGGCTTAT CATTAGAGAA AACAACAGAG TTGTGGTTTC AAGTGATATT CTTGTTAACA ACTAAACGAA
 21430      21440      21450      21460      21470      21480      21490

                                >< VneI
                                >< SnuI
                                >< SduI
                                >< NspII
                                >< HpaII
                                >< HgiAI
                                >< HapII
                                >< Cfr10I
                                >< Bsp1286I
                                >< MspI>< BmyI
                                >< ApaLI
                                >< Alw44I
                                >< AgeI >< Alw21I
CATGTTTATT TTCTTATTAT TTCTTACTCT CACTAGTGGT AGTGACCTTG ACCGGTGCAC CACTTTTGAT
 21500      21510      21520      21530      21540      21550      21560

                                > < AluI
                                >< MnlI
GATGTTCAAG CTCCTAATTA CACTCAACAT ACTTCATCTA TGAGGGGGGT TTACTATCCT GATGAAATTT
 21570      21580      21590      21600      21610      21620      21630

                                >< Sau3AI

```

64/83

```

>< NdeII
>< MboI
>< DpnII
  >< DpnI          >< Tru9I
>< BspAI          >< MseI > < MboII
  >< Bsp143I       >< DdeI          >< MaeIII
TTAGATCAGA CACTCTTTAT TTAACTCAGG ATTTATTTCT TCCATTTTAT TCTAATGTTA CAGGGTTTCA
21640      21650      21660      21670      21680      21690      21700

  >< VspI
  >< Tru9I
  >< MseI
  >< AsnI          >< Tru9I          >< FokI
  >< AseI >< MaeII >< MseI >< BbvI          > < Fnu4HI
TACTATTAAT CATACGTTTG GCAACCCTGT CATACCTTTT AAGGATGGTA TTTATTTTGC TGCCACAGAG
21710      21720      21730      21740      21750      21760      21770

          >< BslI
          >< DsaI>< BsiYI          >< NlaIII
          >< BsaJI          > < MaeIII
AAATCAAATG TTGTCCGTGG TTGGGTTTTT GGTCTACCA TGAACAACAA GTCACAGTCG GTGATTATTA
21780      21790      21800      21810      21820      21830      21840

          >< NspI
>< Tru9I          >< NspHI
>< MseI          >< NlaIII
  >< HphI          >< MaeIII          >< MaeIII
TTAACAATTC TACTAATGTT GTTATACGAG CATGTAACCT TGAATTGTGT GACAACCCTT TCTTTGCTGT
21850      21860      21870      21880      21890      21900      21910

          >< StyI          >< Zsp2I
          >< NlaIII          >< Tru9I
>< NcoI >< RsaI          >< Ppu10I TthHB8I ><
>< EcoT14I          >< NsiI          >< TaqI
>< Eco130I          >< MseI          SfaNI ><
>< DsaI>< Csp6I          >< Mph1103I          RsaI ><
>< BssT1I          >< TthHB8I >< EcoT22I          Csp6I ><
>< BsaJI>< AfaI          >< TaqI >< AvaIII          AfaI ><
TTCTAAACCC ATGGGTACAC AGACACATAC TATGATATTC GATAATGCAT TTAATTGCAC TTTCGAGTAC
21920      21930      21940      21950      21960      21970      21980

          >< Tru9I
          >< MseI
          >< DraI
ATATCTGATG CCTTTTCGCT TGATGTTTCA GAAAAGTCAG GTAATTTTAA ACACCTACGA GAGTTTGTGT
21990      22000      22010      22020      22030      22040      22050

          >< Sau3AI
          >< NdeII
          >< MboI
          >< DpnII
          >< DpnI
          >< BspAI
>< Tru9I
>< MseI
  >< DraI          >< SfcI          Bsp143I ><
TTAAAAATAA AGATGGGTTT CTCTATGTTT ATAAGGGCTA TCAACCTATA GATGTAGTTC GTGATCTACC
22060      22070      22080      22090      22100      22110      22120

          >< Tru9I
          >< MseI          > < Tru9I          >< MseI
          >< MseI          > < MseI          >< MnlI
TTCTGGTTTT AACACTTTGA AACCTATTTT TAAGTTGCCT CTTGGTATTA ACATTACAAA TTTTAGAGCC
22130      22140      22150      22160      22170      22180      22190

```

65/83

```

> < SduI>< SfcI
>< PvuII
>< Psp5I
> < NspII
>< NspBII
> < MaeII > < Fnu4HI
> < Bsp1286I >< PstI
> < BmyI>< Fnu4HI
>< BspMI
>< BbvI
>< AluI
>< BbvI
>< SfaNI
>< RsaI
> < Csp6I
>< AfaI
>< AlwNI
>< DraI
TAAAGCCAAC TACATTTATG CTCAAGTATG ATGAAAATGG TACAATCACA GATGCTGTTG ATTGTTCTCA
22270 22280 22290 22300 22310 22320 22330
> < Tru9I
> < MseI
>< AluI
AAATCCACTT GCTGAACTCA AATGCTCTGT TAAGAGCTTT GAGATTGACA AAGGAATTTA CCAGACCTCT
22340 22350 22360 22370 22380 22390 22400
>< SauI
>< MstII
>< Eco81I
>< DdeI
>< CvnI
>< Bsu36I
>< Bse21I
>< AxyI
>< TfiI
>< MnlI
>< AocI
>< MnlI
>< HinfI
>< SspI
>< MnlI
AATTCAGGG TTGTTCCCTC AGGAGATGTT GTGAGATTCC CTAATATTAC AAAGTTGTGT CCTTTTGGAG
22410 22420 22430 22440 22450 22460 22470
>< Zsp2I
>< Ppu10I
>< NsiI
> < NlaIII
>< Mph1103I
>< EcoT22I
>< AvaIII
>< Tru9I
>< MseI
AGGTTTTTAA TGCTACTAAA TTCCCTTCTG TCTATGCATG GGAGAGAAAA AAAATTTCTA ATTGTGTTGC
22480 22490 22500 22510 22520 22530 22540
>< SduI
>< NspII
>< HgiAI
>< Bsp1286I
>< BmyI
>< Alw21I
>< Tru9I
>< MseI
DdeI ><
TGATTACTCT GTGCTCTACA ACTCAACATT TTTTCAACC TTTAAGTGCT ATGGCGTTTC TGCCACTAAG
22550 22560 22570 22580 22590 22600 22610
>< Sau3AI
>< NdeII
>< MboI
>< DpnII
>< DpnI

```

66/83

```

>< BspAI
>< Bsp143I
TTGAATGATC TTTGCTTCTC CAATGTCTAT GCAGATTCTT TTGTAGTCAA GGGAGATGAT GTAAGACAAA
22620      22630      22640      22650      22660      22670      22680

>< TfiI
>< HinfI

>< ScrFI
>< MvaI
>< HinfII
>< HinfI
>< HhaI
>< HaeII
>< EcoRII
>< Ecl136I
>< DsaV
>< CfoI
>< BstOI
>< BstNI
>< Bsp143II
>< BsiLI
>< ApyI
TAGCGCCAGG ACAAACCTGGT GTTATTGCTG ATTATAATTA TAAATTGCCA GATGATTTC A TGGGTTGTGT
22690      22700      22710      22720      22730      22740      22750

>< NlaIII
>< BsrI
>< SfaNI
>< RmaI
>< MaeI
CCTTGCTTGG AATACTAGGA ACATTGATGC TACTTCAACT GGTAATTATA ATTATAAATA TAGGTATCTT
22760      22770      22780      22790      22800      22810      22820

>< BsrI
>< DdeI ><
>< BfrI ><
>< Sau96I
>< Pali
>< NspIV
> < HindIII
>< HaeIII
>< EcoO109I
>< DraII
>< DdeI
>< Cfr13I
>< BsuRI
>< BsiZI
>< BshI
>< BfrI >< PssI
>< NlaIII >< AsuI>< BsmAI
>< AluI >< Alw26I
AGACATGGCA AGCTTAGGCC CTTTGAGAGA GACATATCTA ATGTGCCTTT CTCCCCTGAT GGCAAACCTT
22830      22840      22850      22860      22870      22880      22890

>< BspWI ><
>< Tru9I
>< Pali
>< MscI
>< HaeIII
>< EaeI>< MseI
>< Tru9I
>< BsuRI
>< MseI
>< BshI
>< BspMI
>< BalI
GCACCCACCC TGCTCTTAAT TGTTATTGGC CATTAAATGA TTATGGTTTT TACACCACTA CTGGCATTGG
22900      22910      22920      22930      22940      22950      22960

>< BsrI ><
>< Sau96I ><
>< PalINspIV ><
> < MspI NspHII ><
>< HaeIII

```

FIGURE 13.53

67/83

```

> < HpaII Eco47I ><
  >< DsaI
> < HapII Cfr13I ><
  >< BsuRISinI ><
    >< GdiII BsiZI ><
      >< BsaJI
    >< ScaI
    >< RsaI
    >< Csp6I
    >< AfaI
    >< Tru9I
    >< EaeI Bme18I ><
    >< MseI >< Cfr10I
    >< DraI
    >< BshI AsuI ><
    >< AvaII ><
CTACCAACCT TACAGAGTTG TAGTACTTTC TTTTGAACCT TTAAATGCAC CGGCCACGGT TTGTGGACCA
  22970      22980      22990      23000      23010      23020      23030

    >< Tru9I
    >< RsaI
    >< Tru9I
    >< Csp6I
    >< PleI
    >< BsrI ><
    >< MseI
    >< BsrI
    >< MseI >< HinfI
    >< AfaI
AAATTATCCA CTGACCTTAT TAAGAACCAG TGTGTCAATT TTAATTTTAA TGGACTCACT GGTACTGGTG
  23040      23050      23060      23070      23080      23090      23100

    >< Tru9I
    >< MseI
    >< MboII
    >< HpaI
    >< HindII
    >< HincII
    >< Pali
    >< HaeIII
    >< GdiII
    >< EaeI
    >< BsuRI
    >< BshI
    >< TfiI ><
    >< HinfI ><
TGTTAACTCC TTCTTCAAAG AGATTTC AAC CATTTC AACA ATTTGGCCGT GATGTTTCTG ATTTCACTGA
  23110      23120      23130      23140      23150      23160      23170

    > < XhoII
    >< TthHB8I
    >< TaqI
    > < Sau3AI
    > < NdeII
    > < MflI
    > < MboI
    > < DpnII
    >< DpnI
    > < BstYI
    > < BspAI
    >< AlwI >< Bsp143I
    >< SspI
    >< HphI
TTCCGTTCTGA GATCCTAAAA CATCTGAAAT ATTAGACATT TCACCTTGCT CTTTTGGGGG TGTAAGTGTA
  23180      23190      23200      23210      23220      23230      23240

    >< ScrFI
    >< MvaI
    >< EcoRII
    >< Ecl136I
    >< DsaV
    >< BstOI
    >< BstNI
    >< BsiLI
    >< ApyI
    >< Tru9I
    >< MseI
    >< HpaI
    >< HindII
    >< Eco57I
    >< BsgI
    >< HincII
ATTACACCTG GAACAAATGC TTCATCTGAA GTTGCTGTTC TATATCAAGA TGTTAACTGC ACTGATGTTT
  23250      23260      23270      23280      23290      23300      23310

    >< Sau3AI
    >< NlaIII
    >< NdeII
    >< MboI
    >< DpnII
    >< DpnI
    >< HinfII

```

```

    >< BspWI
    >< BspAI
    >< SfcI
    CTACAGCAAT TCATGCAGAT CAACTCACAC CAGCTTGGCG CATATATTCT ACTGGAAACA ATGTATTCCA
    23320      23330      23340      23350      23360      23370      23380

    >< Hin6I
    > < HhaI
    >< Bsp143I
    >< AluI> < CfoI
    >< BsrI
    >< TthHB8I
    >< TaqI
    >< SalI
    >< RtrI
    >< NspI
    >< EspI >< NspHI
    >< DdeI >< NlaIII
    >< CelII >< HindII
    >< Bpu1102I>< HincII
    >< HinfI
    GACTCAAGCA GGCTGTCTTA TAGGAGCTGA GCATGTCGAC ACTTCTTATG AGTGCGACAT TCCTATTGGA
    23390      23400      23410      23420      23430      23440      23450

    > < SnaBI
    >< ScaI
    >< RsaI
    >< RmaI
    >< MaeII >< MaeI
    > < Eco105I
    >< Csp6I
    >< RmaI
    >< MaeIII
    > < BsaAI
    >< AfaI
    >< AluI >< MaeI
    GCTGGCATT TGTCTAGTTA CCATACAGTT TCTTTATTAC GTAGTACTAG CCAAAAATCT ATTGTGGCTT
    23460      23470      23480      23490      23500      23510      23520

    >< MunI
    ATACTATGTC TTTAGGTGCT GATAGTTCAA TTGCTTACTC TAATAACACC ATTGCTATAC CTACTAACTT
    23530      23540      23550      23560      23570      23580      23590

    RsaI ><
    >< MnlI
    Csp6I ><
    AfaI ><
    >< SfcI
    TTCAATTAGC ATTACTACAG AAGTAATGCC TGTTCCTATG GCTAAAACCT CCGTAGATTG TAATATGTAC
    23600      23610      23620      23630      23640      23650      23660

    > < TfiI
    > < HinfI
    >< AciI
    ATCTGCGGAG ATTCTACTGA ATGTGCTAAT TTGCTTCTCC AATATGGTAG CTTTTGCACA CAACTAAATC
    23670      23680      23690      23700      23710      23720      23730

    >< VneI
    >< SduI
    >< NspII
    >< HgiAI
    >< SnoI>< DdeI
    >< Bsp1286I
    >< BmyI
    >< BbvI
    >< ApaLI
    >< Alw44I
    >< Alw21I
    >< Fnu4HI
    >< BspAI
    >< AflIII
    GTGCACTCTC AGGTATTGCT GCTGAACAGG ATCGCAACAC ACGTGAAGTG TTCGCTCAAG TCAAACAAAT
    23740      23750      23760      23770      23780      23790      23800

    >< PmlI
    >< PmaCI
    >< MaeII
    >< Eco72I
    >< BsaAI
    >< BbrPI
    >< DpnII >< AlwI

```

FIGURE 13.55

69/83

```

>< RsaI
>< Csp6I
>< AfaI
GTACAAAACC CCAACTTTGA AATATTTTGG TGGTTTTAAT TTTTCACAAA TATTACCTGA CCCTCTAAAG
23810      23820      23830      23840      23850      23860      23870

>< MnlI
>< MnlI
>< DdeI >< MnlI
CCAATAAGA GGTCTTTTAT TGAGGACTTG CTCTTTAATA AGGTGACACT CGCTGATGCT GGCTTCATGA
23880      23890      23900      23910      23920      23930      23940

>< XhoII
>< Sau3AI
>< StyI
>< RmaI
>< MaeI
>< EcoT14I
>< Eco130I
>< BssT1I
>< BsmI
>< BscCI
>< BsaJI
>< BlnI
>< AvrII
>< XhoII
>< Sau3AI
>< RmaI
>< NdeII
>< MflI
>< MboI
>< MaeI
>< DpnII
>< HphI> < DpnI
>< BstYI
>< BspAI
> < Bsp143I
>< AseI
>< BglII
>< MstI
>< HinP1I
>< Hin6I
>< HhaI
>< FspI
>< FdiII
>< CfoI
>< AviII
AGCAATATGG CGAATGCCTA GGTGATATTA ATGCTAGAGA TCTCATTTGT GCGCAGAAGT TCAATGGACT
23950      23960      23970      23980      23990      24000      24010

>< MnlI
>< BspWI >< BbvI
TACAGTGTG CCACCTCTGC TCACTGATGA TATGATTGCT GCCTACACTG CTGCTCTAGT TAGTGGTACT
24020      24030      24040      24050      24060      24070      24080

>< MboII
>< HinP1I
>< Hin6I
>< HhaI
>< HaeII
>< Fnu4HI >< Ksp632I
>< CfoI >< EarI
>< FokI >< BspWI >< Eam1104I
>< BbvI
>< Bsp143II
GCCACTGCTG GATGGACATT TGGTGTGGC GCTGCTCTTC AAATACCTTT TGCTATGCAA ATGGCATATA
24090      24100      24110      24120      24130      24140      24150

>< MaeIII
GGTTCAATGG CATTGGAGTT ACCCAAATG TTCTCTATGA GAACCAAAAA CAAATCGCCA ACCAATTTAA
24160      24170      24180      24190      24200      24210      24220

>< TfiI
>< HinfI
>< BbvI
>< AluI
CAAGGCGATT AGTCAAATTC AAGAATCACT TACAACAACA TCAACTGCAT TGGGCAAGCT GCAAGACGTT
24230      24240      24250      24260      24270      24280      24290

>< Tru9I
>< MseI
>< HpaI
>< HindII
>< HincII>
>< BsmI
>< BscCI
>< Tru9I
>< MseI
>< DdeI
>< Tru9I
>< BfrI
>< AluI

```

```

GTTAACCAGA ATGCTCAAGC ATTAACACA CTTGTAAAC AACTTAGCTC TAATTTTGGT GCAATTTCAA
24300      24310      24320      24330      24340      24350      24360

      >< ThaI
      >< SpoI
      >< NruI
      >< MvnI
      >< BstUI      >< TthHB8I
      >< Bsp68I      >< TaqI      >< RsaI
      >< EcoRV      >< Bsp50I      >< MnlI      >< Csp6I      >< Tru9I
      >< Eco32I >< AccII >< MnlI      >< AciI>< AfaI      >< MseI
GTGTGCTAAA TGATATCCTT TCGCGACTTG ATAAAGTCGA GCGGAGGTA CAAATTGACA GGTTAATTAC
24370      24380      24390      24400      24410      24420      24430

      >< MaeIII >< BbvI      >< Fnu4HI      BbvI ><
AGGCAGACTT CAAAGCCTTC AAACCTATGT AACACAACAA CTAATCAGGG CTGCTGAAAT CAGGGCTTCT
24440      24450      24460      24470      24480      24490      24500

      >< Fnu4HI      >< HindII
      >< BspWI      >< DdeI      >< HincII
GCTAATCTTG CTGCTACTAA AATGTCTGAG TGTGTTCTTG GACAATCAAA AAGAGTTGAC TTTTGTGGAA
24510      24520      24530      24540      24550      24560      24570

      > < NspI
      > < NspHI
      > < NlaIII
      >< MaeIII
      >< NlaIII      >< MaeII
      >< MboII      >< FokI
      >< Fnu4HI >< BbsI      BsaAI ><
      >< AciI>< BbvI      >< AflIII
AGGGCTACCA CCTTATGTCC TTCCACAAAG CAGCCCCGCA TGGTGTGTC TTCCTACATG TCACGTATGT
24580      24590      24600      24610      24620      24630      24640

      >< ScrFI
      >< MvaI
      >< EcoRII
      >< Ecl136I
      >< BstOI
      >< BstNI      >< HinPII
      >< MnlI >< BslI      >< Hin6I
      >< DsaV>< BsiYI      >< HhaI
      >< BsiLI      >< HaeII
      >< BsaJI>< HphI      >< CfoI      >< NlaIII
      >< ApyI      >< Bsp143II >< BspHI      EcoNI ><
GCCATCCCAG GAGAGGAACT TCACCACAGC GCCAGCAATT TGTCATGAAG GCAAAGCATA CTTCCCTCGT
24650      24660      24670      24680      24690      24700      24710

      >< MnlI
      >< BslI      >< Tru9I
      >< BsiYI      >< MseI      >< MnlI
GAAGGTGTTT TTGTGTTTAA TGGCACTTCT TGGTTTATTA CACAGAGGAA CTTCTTTTCT CCACAAATAA
24720      24730      24740      24750      24760      24770      24780

      >< DdeI      >< Tru9I
      >< BsmAI      >< SfaNI
      >< SfcI      >< Alw26I      >< MseIAlwI ><
TTACTACAGA CAATACATTT GTCTCAGGAA ATTGTGATGT CGTTATTGGC ATCATTAACA ACACAGTTTA
24790      24800      24810      24820      24830      24840      24850

      >< Sau3AI
      >< NdeII

```

FIGURE 13.57

71/83

```

>< MboI          >< P1eI          > < ScaI
>< DpnII         >< MnlI          > < Ksp632I      > < RsaI
  >< DpnI         >< DdeI   >< HinfI      >< MboII
>< BspAI         >< BspWI         > < Eam1104I      >< Csp6I
  >< Bsp143I      >< AluI          > < EarI   > < AluI   > < AfaI   > < HphI
TGATCCTCTG CAACCTGAGC TTGACTCATT CAAAGAAGAG CTGGACAAGT ACTTCAAAAA TCATACATCA
  24860      24870      24880      24890      24900      24910      24920

  >< Sau3AI
  >< NdeII
  >< MboI
>< MamI
  >< DpnII
  >< DpnI
  >< BspAI
  >< Bsp143I
>< BsiBI          >< Tru9I          >< HindII
>< BsaBI          >< MseI           >< HincII      AciI ><
CCAGATGTTG ATCTTGCGCA CATTTCAGGC ATTAACGCTT CTGTCGTC AA CATTCAAAAA GAAATTGACC
  24930      24940      24950      24960      24970      24980      24990

  >< Tru9I
  > < TfiI
  >< MnlI          >< SwaI
>< EcoNI          >< MseI
  >< BslI          > < HinfI
>< MnlI>< BsiYI    >< DraI
GCCTCAATGA GGTGCTGCTAAA AATTTAAATG AATCACTCAT TGACCTTCAA GAATTGGGAA AATATGAGCA
  25000      25010      25020      25030      25040      25050      25060

  >< StyI
  >< P1eI
  >< HaeIII
  >< EcoT14I
  >< Eco130I
  >< BsuRI
  >< BssT1I
>< Tru9I>< BshI          NlaIII ><
>< MseI >< BsaJI          MaeIII ><
ATATATTAAA TGGCCTTGGT ATGTTTGGCT CGGCTTCATT GCTGGACTAA TTGCCATCGT CATGGTTACA
  25070      25080      25090      25100      25110      25120      25130

  > < SphI
  > < PaeI
  >< SpeI          > < NspI
  > < RmaI        > < NspHI
>< NlaIII        > < NlaIII
  > < MaeI        >< MnlI>< BbvI Fnu4HI ><
ATCTTGCTTT GTTGCATGAC TAGTTGTTGC AGTTGCCTCA AGGGTGCATG CTCTTGTTGGT TCTTGCTGCA
  25140      25150      25160      25170      25180      25190      25200

  >< FokI
  >< DdeI
>< MnlI >< P1eI>< HinfI >< BsrI
AGTTTGATGA GGATGACTCT GAGCCAGTTC TCAAGGGTGT CAAATTACAT TACACATAAA CGAAGTTATG
  25210      25220      25230      25240      25250      25260      25270

  >< Sau3AI
  >< NdeII
  >< MboI
  >< DpnII
  > < DpnI

```

72/83

```

>< BspAI
  > < Bsp143I
    >< BsgI    >< AlwI    >< BsrI    BspWI >
GATTTGTTTA TGAGATTTTT TACTCTTGGG TCAATTACTG CACAGCCAGT AAAAATTGAC AATGCTTCTC
25280      25290      25300      25310      25320      25330      25340

  >< ScaI
  >< RsaI
  >< Csp6I    >< SfcI
  >< AfaI    >< NlaIII    >< AciI    >< MnlI    FokI >
CTGCAAGTAC TGTTTCATGCT ACAGCAACGA TACCGCTACA AGCCTCACTC CCTTTCGGAT GGCTTGTTAT
25350      25360      25370      25380      25390      25400      25410

  > < HinP1I
  > < Hin6I
    >< HhaI
    >< HaeII    >< HinP1I    RmaI ><
    >< Eco47III    >< Hin6I    NheI ><
    >< CfoI    >< HhaI    MaeI ><
    >< BspWI    >< Bsp143II    >< CfoI    Fnu4HI ><
    >< BspWI    >< Bsp143II    >< CfoI    AluI ><
TGCGTGTGCA TTTCTTGCTG TTTTTCAGAG CGCTACCAAA ATAATTGCGC TCAATAAAAG ATGGCAGCTA
25420      25430      25440      25450      25460      25470      25480

  >< EcoNI
  >< BslI
  >< BsiYI
    >< BbvI    >< BsrI    >< BbvI    > < Fnu4HI    BbvI ><
GCCCTTTATA AGGGCTTCCA GTTCATTTGC AATTACTGCG TGCTATTGT TACCATCTAT TCACATCTTT
25490      25500      25510      25520      25530      25540      25550

    Zsp2I ><
    Ppu10I ><
    NsiI ><
    Mph1103I ><
    EcoT22I ><
    AvaIII ><
  > < SfcI    >< HinP1I
    >< PstI    >< Hin6I    >< RsaI
  > < Fnu4HI    >< HhaI    >< Csp6I
  >< BspMI    >< MnlI    >< CfoI    >< AfaI    >< MnlI    AvaIII ><
TGCTTGTCGC TGCAGGTATG GAGGCGCAAT TTTTGTACCT CTATGCCTTG ATATATTTTC TACAATGCAT
25560      25570      25580      25590      25600      25610      25620

  >< SfaNI
  >< NspI
  >< NspHI
  >< NlaIII
CAACGCATGT AGAATTATTA TGAGATGTTG GCTTTGTTGG AAGTGCAAAT CCAAGAACCC ATTACTTTAT
25630      25640      25650      25660      25670      25680      25690

    >< Bst1107I
    >< AccI    MaeIII ><
GATGCCAACT ACTTTGTTTG CTGGCACACA CATAACTATG ACTACTGTAT ACCATATAAC AGTGTCACAG
25700      25710      25720      25730      25740      25750      25760

    >< MboII
    BstXI ><
  >< MunI >< MaeIII >< MaeIII >< Eco57I >< BbsI MnlI >
ATACAATTGT CGTTACTGAA GGTGACGGCA TTTCAACACC AAAACTCAAA GAAGACTACC AAATTGGTGG
25770      25780      25790      25800      25810      25820      25830

    >< RsaI
    > < NlaIII
    >< HphI
  >< Tru9I >< Tth111I >< Csp6I
  >< DdeI    >< DdeI    >< MseI >< AspI    >< AfaI

```

FIGURE 13.59

73/83

```

TTATTCTGAG GATAGGCACT CAGGTGTTAA AGACTATGTC GTTGTACATG GCTATTTTCAC CGAAGTTTAC
25840      25850      25860      25870      25880      25890      25900

      > < HinfI>< P1eI      >< BsrI      Tru9I ><
      >< AluI >< AccI      >< SfcI >< AlwNI      >< MboII      MseI ><
TACCAGCTTG AGTCTACACA AATTACTACA GACACTGGTA TTGAAAATGC TACATTCTTC ATCTTTAACA
25910      25920      25930      25940      25950      25960      25970

      > < TthHB8I
      >< Tru9I      > < TaqI      >< Ksp632I
      >< MseI      > < MboII      >< EarI BspWI ><
      >< AluI      >< Eco57I      >< Eam1104I AlwI ><
AGCTTGTTAA AGACCCACCG AATGTGCAAA TACACACAAT CGACGGCTCT TCAGGAGTTG CTAATCCAGC
25980      25990      26000      26010      26020      26030      26040

      >< XhoII
      >< Sau3AI
      >< NlaIV
      >< NdeII
      >< MflI
      >< MboI
      >< DpnII
      >< DpnI
      >< BstYI
      >< BstI
      >< BspAI
      >< Bsp143I
      >< BscBI
      >< BamHI >< AlwI
      >< RmaI
      >< MaeI
      >< RsaI ><
      >< Csp6I ><
      >< AfaI ><
AATGGATCCA ATTTATGATG AGCCGACGAC GACTACTAGC GTGCCTTTGT AAGCACAAGA AAGTGAGTAC
26050      26060      26070      26080      26090      26100      26110

      > < Tru9I
      >< RsaI
      > < MseI
      >< MboII
      > < RsaI
      >< Csp6I
      > < AfaI
      >< Csp6I
      >< AfaI
      >< Tru9I >< Csp6I
      >< AfaI
      >< MseI
      >< AfaI
GAACTTATGT ACTCATTCGT TTCGGAAGAA ACAGGTACGT TAATAGTTAA TAGCGTACTT CTTTTTCTTG
26120      26130      26140      26150      26160      26170      26180

      >< TthHB8I
      >< TaqI
      >< RmaI
      > < MaeIII
      >< MaeI >< RmaI
      >< FokI >< MaeI
      >< HinP1I
      >< Hin6I
      >< HhaI
      >< CfoI >< BbvI > < AfaI
      >< RsaI
      >< Fnu4HI ><
      >< Csp6I
      >< AfaI
CTTTCGTGGT ATTCTTGCTA GTCACACTAG CCATCCTTAC TGCGCTTCGA TTGTGTGCGT ACTGCTGCAA
26190      26200      26210      26220      26230      26240      26250

      >< Tru9I
      >< MseI
      >< SspI >< MaeII
      >< HpaI
      >< HindII
      >< HincII
      >< ThaI
      >< MvnI
      >< MseI
      >< BstUI
      >< MaeII >< Bsp50I >< MboII EarI >
      >< AccI >< AccII
      >< Ksp632I >
      >< Eam1104I >
TATTGTTAAC GTGAGTTTAG TAAAACCAAC GGTTCACGTC TACTCGCGTG TTAAAATCT GAACCTTTCT
26260      26270      26280      26290      26300      26310      26320

```

74/83

```

>< Sau3AI
>< NdeII
>< MboI
>< DpnII
>< MboII>< DpnI
>< XmnI >< BspAI> < Eco57I
>< Asp700I>< Bsp143I
GAAGGAGTTC CTGATCTTCT GGTCTAAACG AACTAACTAT TATTATTATT CTGTTTGGA A CTTTAACATT
26330      26340      26350      26360      26370      26380      26390

>< ScrFI
>< MvaI
>< EcoRII
>< Ecl136I
>< DsaV NlaIV ><
>< BstOI
>< BstNI RmaI ><
>< MseI >< BsiLI MaeI ><
>< ApyIBscBI ><
>< NlaIII >< AfaI >< AluI
GCTTATCATG GCAGACAACG GTACTATTAC CGTTGAGGAG CTTAAACAAC TCCTGGAACA ATGGAACCTA
26400      26410      26420      26430      26440      26450      26460

>< ScrFI
>< RmaI
>< MvaI
>< MaeI
>< EcoRII
>< Ecl136I
>< DsaV
>< BstOI
>< BstNI
>< BsiLI
>< ApyI >< MaeIII
GTAATAGGTT TCCTATTCTT AGCCTGGATT ATGTTACTAC AATTTGCCTA TTCTAATCGG AACAGGTTTT
26470      26480      26490      26500      26510      26520      26530

>< Pali
>< MscI
>< MnlI >< MaeIII
>< HaeIII
>< EaeI
>< BsuRI
>< BsrI
>< BspWI
>< RsaI
>< Csp6I >< HindIII
>< AfaI >< AluI
>< BshI
>< BalI
>< BbvI Fnu4HI ><
TGTACATAAT AAAGCTTGTT TTCCTCTGGC TCTTGTGGCC AGTAACACTT GCTTGTTTTG TGCTTGCTGC
26540      26550      26560      26570      26580      26590      26600

>< VspI
>< Tru9I
>< MseI
>< HphI
>< SfcI >< AsnI
>< AccI >< AseI>< MaeIII>< AciI
>< BsrI
TGCTACAGA ATTAATTGGG TGA CTGGCGG GATTGCGATT GCAATGGCTT GTATTGTAGG CTTGATGTGG
26610      26620      26630      26640      26650      26660      26670

>< EspI
>< Eco57I
>< DdeI
>< CelII
>< Bpu1102I
>< RsaI
>< Csp6I

```

FIGURE 13.61

75/83

```

>< BfrI
  >< AiuI
CTTAGCTACT TCGTTGCTTC CTCAGGCTG TTTGCTCGTA CCCGCTCAAT GTGGTCATTC AACCCAGAAA
  26680      26690      26700      26710      26720      26730      26740

  >< AfaI
    >< AciI
      MboII >
    >< ScrFI
    >< NciI
    >< MspI
    >< HpaII
    >< HapII
    >< DsaV>< MnlI
    >< BslI
    >< BsiYI
    >< BsaJI >< MunI
    >< BcnI >< MaeIII >< AciI >< NlaIII
    >< XcmI
CAAACATTCT TCTCAATGTG CCTCTCCGGG GGACAATTGT GACCAGACCG CTCATGGAAA GTGAACCTGT
  26750      26760      26770      26780      26790      26800      26810

Tru9I ><
  SinI >
  Sau96I >
  PpuMI >
  NspIV >
  MseI ><
    >< MaeIII
    >< RmaI >< HaeII
    >< MaeI EcoO109I >
    >< PalI >< MspI >< HinPIIEco47I >
    >< HpaII >< StyI>< Hin6I DraII >
    >< HapII >< EcoT14I >< Cfr13I >
    >< HaeIII >< Eco130I>< Bsp143II
    >< GdiII >< BssT1I >< Bsi2I >
    >< EaeI >< BsaJI >< Bme18I >
    >< BsuRI >< BlnI >< HhaI AvaII >
    >< BshI >< AvrII >< CfoI AsuI >
CATTGGTGCT GTGATCATTC GTGGTCACTT GCGAATGGCC GGACACTCCC TAGGGCGCTG TGACATTAAG
  26820      26830      26840      26850      26860      26870      26880

  >< Sau3AI
  >< NdeII
  >< MboI
  >< DpnII
  >< DpnI
  >< BspAI
  >< Bsp143I
  >< BsiQI
  >< BclI >< MaeIII
  >< Psp5II >< BspMI
  >< NspHII >< Bsp143I
  >< XmnI
  >< Asp700I >< HgaI >< Fnu4HI ><
GACCTGCCAA AAGAGATCAC TGTGGCTACA TCACGAACGC TTTCTTATTA CAAATTAGGA GCGTCGCAGC
  26890      26900      26910      26920      26930      26940      26950

  >< TfiI
  >< HinfI
  >< BbvI
  >< BbvI
  >< Fnu4HI >< AciI
  >< Tru9I
  >< MseI
GTGTAGGCAC TGATTCAGGT TTTGCTGCAT ACAACCGCTA CCGTATTGGA AACTATAAAT TAAATACAGA
  26960      26970      26980      26990      27000      27010      27020

  >< MspI
  >< HpaII
  >< HapII
  >< Cfr10I
  >< BcgI/a
  >< RsaI
  >< RmaI
  >< Csp6I
  >< MaeI>< BcgI
  >< AfaI >< MaeIII
  HindII ><
  HincII ><

```

```

CCACGCCGGT AGCAACGACA ATATTGCTTT GCTAGTACAG TAAGTGACAA CAGATGTTTC ATCTTGTTGA
  27030      27040      27050      27060      27070      27080      27090

>< ScrFI
>< MvaI
  >< MaeIII
>< EcoRII
  >< Ecl136I
>< DsaV
  >< BstOI
  >< BstNI
  >< BsiLI
  >< ApyI
                                >< MnlI
                                HinfI ><
CTTCCAGGTT ACAATAGCAG AGATATTGAT TATCATTATG AGGACTTTCA GGATTGCTAT TTGGAATCTT
  27100      27110      27120      27130      27140      27150      27160

                                >< BsmAI
                                >< Tru9I
                                > < MnlI
>< MaeII
  >< Alw26I
                                >< MseI
                                >< DdeI
                                >< MboII
GACGTTATAA TAAGTTCAAT AGTGAGACAA TTATTTAAGC CTCTAACTAA GAAGAATTAT TCGGAGTTAG
  27170      27180      27190      27200      27210      27220      27230

                                >< Ksp632I
                                >< MboII
                                >< EarI
                                >< NlaIII Eam1104I ><
ATGATGAAGA ACCTATGGAG TTAGATTATC CATAAAACGA ACATGAAAAT TATTCTCTTC CTGACATTGA
  27240      27250      27260      27270      27280      27290      27300

                                > < RsaI >< RsaI
                                >< Csp6I >< Csp6I
                                > < AluI
                                >< MnlI
                                > < AfaI >< AfaI
TTGTATTTAC ATCTTGCGAG CTATATCACT ATCAGGAGTG TGTTAGAGGT ACGACTGTAC TACTAAAAGA
  27310      27320      27330      27340      27350      27360      27370

                                >< MnlI
                                >< HphI
                                >< HphI
                                >< MnlI
ACCTTGCCCA TCAGGAACAT ACGAGGGCAA TTCACCATTT CACCCTCTTG CTGACAATAA ATTTGCACTA
  27380      27390      27400      27410      27420      27430      27440

                                Sau3AI >
                                > < PvuII
                                > < Psp5I
                                > < NspBII
                                >< TthHB8I
                                >< TaqI
                                >< RsaI
                                >< Csp6I
                                >< BbvI
                                >< AfaI
                                > < AluI
ACTTGCACTA GCACACACTT TGCTTTTGCT TGTGCTGACG GTACTCGACA TACCTATCAG CTGCGTGCAA
  27450      27460      27470      27480      27490      27500      27510

                                >< SstI
                                >< SduI
                                >< SacI
                                >< NspII
                                >< HgiAI
                                >< Eco24I
                                > < Ecl136II
                                >< BspWI
                                >< Bsp1286I
                                >< BmyI
                                >< BanII
                                >< Alw21I

>< HphI
>< DpnI
                                >< MnlI

```

FIGURE 13. 63

77/83

```

>< Bsp143I          >< MnlI          > < AluI          BbvI ><
GATCAGTTTC ACCAAAAC TTTCATCAGAC AAGAGGAGGT TCAACAAGAG CTCTACTCGC CACTTTTCT
27520      27530      27540      27550      27560      27570      27580

SstI ><
SduI ><
SacI ><
NspII ><
HgiAI ><
Eco24I ><
Ecl136II ><
Bsp1286I ><
BmyI ><
BanII ><
Alw21I ><
AluI ><

>< RmaI    >< Tru9I
>< MaeI    >< MseI          >< Tru9I
>< Fnu4HI   >< HphI          >< MseI
CATTGTTGCT GCTCTAGTAT TTTTAATACT TTGCTTCACC ATTAAGAGAA AGACAGAATG AATGAGCTCA
27590      27600      27610      27620      27630      27640      27650

>< Tru9I
>< MseI          >< Tru9I
CTTTAATTGA CTTCTATTTG TGCTTTT TAG CCTTTCTGCT ATTCCTTGTT TTAATAATGC TTATTATATT
27660      27670      27680      27690      27700      27710      27720

>< XhoII
>< XbaI
> < ScrFI
>< Sau3AI
>< RmaI
>< NdeII
> < MvaI
>< MflI
>< MboI
>< EcoRII>< MaeI
> < Ecl136I
>< DpnII
>< DpnI
>< BstYI
> < BstOI
> < BstNI
>< TthHB8I >< BspAI          > < RsaI
>< DsaV>< Bsp143I          >< MboII
> < BsiLI          >< Csp6I
>< TaqI > < ApyI > < AlwI > < AfaI
TTGGTTTTCA CTCGAAATCC AGGATCTAGA AGAACCTTGT ACCAAAGTCT AAACGAACAT GAAACTTCTC
27730      27740      27750      27760      27770      27780      27790

>< HinPII
>< Hin6I
>< HhaI
>< RsaI >< HaeII
>< SfcI          >< Eco47III
>< Csp6I>< CfoI SfaNI ><
>< AfaI >< Bsp143II
ATTGTTTTGA CTTGTATTTT TCTATGCAGT TGCATATGCA CTGTAGTACA GCGCTGTGCA TCTAATAAAC
27800      27810      27820      27830      27840      27850      27860

>< XhoII
>< Sau3AI
>< NdeII
> < MnlI
>< MflI

```

```

    >< MboI
    >< DpnII
        >< DpnI        >< RsaI
        >< BstYI    >< MboII
    >< NlaIII>< BspAI    >< Csp6I >< RmaI
        >< AlwI >< Bsp143I    >< AfaI >< MaeI
CTCATGTGCT TGAAGATCCT TGTAAGGTAC AACACTAGGG GTAATACTTA TAGCACTGCT TGGCTTTGTG
    27870      27880      27890      27900      27910      27920      27930

>< SduI
>< RmaI
>< NspII
>< MaeI
>< HgiAI
>< Bsp1286I
>< BmyI
>< Alw21I
    >< NspI
    >< NspHI
    >< NlaIII >< MaeIII
CTCTAGGAAA GGTTTTACCT TTTCATAGAT GGCACACTAT GGTTCAAACA TGCACACCTA ATGTTACTAT
    27940      27950      27960      27970      27980      27990      28000

    > < XhoII
    > < Sau3AI > < Van91I
        >< PvuII
        >< Psp5I
    > < NdeII > < PflMI
    > < MflI>< NspBII
    > < DpnII    >< HinP1I
        >< Bsp143I    >< Hin6I
    > < BstYI > < BslI >< HhaI >< RmaI
    > < BspAI > < BsiYI>< CfoI >< MaeI
    > < MboI>< AluI>< BspWI >< BspWI
    >< AlwI >< DpnI > < AccB7I    >< AluI
CAACTGTCAA GATCCAGCTG GTGGTGCGCT TATAGCTAGG TGTGGGTACC TTCATGAAGG TCACCAAAC
    28010      28020      28030      28040      28050      28060      28070

    >< SinI
    >< Sau96I
    >< NspIV
NspHII ><
    NlaIV ><
    >< Eco47I
    >< Cfr13I
    >< BsiZI
    BscBI ><
    >< Bme18I
    >< AvaII
    >< AsuI
    >< Tru9I
    >< MseI
GCTGCATTTA GAGACGTACT TGTTGTTTTA AATAAACGAA CAAATTAAAA TGTCTGATAA TGGACCCCAA
    28080      28090      28100      28110      28120      28130      28140

    >< SinI
    >< Sau96I
    >< NspIV
    >< NspHII
    >< NlaIV
    >< Eco47I
    >< Cfr13I
    >< BsiZI
    >< BscBI
    >< Bme18I
    >< AvaII
    >< AsuI
    >< Tru9I
    >< MseI
    >< TfiI
    >< HinfI
    >< MnlI

    >< SduI
    >< NspII
    >< Bsp1286I
    >< BmyI
    >< MaeII
    >< AciI

```

FIGURE 13. 65

79/83

TCAAACCAAC GTAGTGCCCC CCGCATTACA TTTGGTGGAC CCACAGATTC AACTGACAAT AACCAGAATG
 28150 28160 28170 28180 28190 28200 28210

>< HinPII >< StyI

>< HaeII

> < Pali >< Hin6I >< EcoT14I

> < HaeIII >< HhaI>< Eco130I

>< BspWI >< BssTII

> < BsuRI >< Bsp143II

>< HgaI> < BshI >< CfoI>< BsaJI >< HgaI

GAGGACGCAA TGGGGCAAGG CCAAAACAGC GCCGACCCCA AGGTTTACCC AATAATACTG CGTCTTGTT
 28220 28230 28240 28250 28260 28270 28280

>< TthHB8I

> < ScrFI

>< Pali

>< PaeR7I

>< NspIII

> < MvaI

>< HaeIII

>< EcoRII

>< Eco88I

>< XhoI > < Ecl136I

>< DsaV

>< BsuRI

>< SlaI > < BstOI

>< MnlI>< TaqI> < BstNI

>< CcrI > < BsiLI

>< HinfI >< BshI

>< TfiI>< BcoI>< BsaJI

>< MnlI

>< DdeI

>< AvaI > < ApyI

>< AluI >< DdeI > < NlaIII >< BfrI >< Ama87I >< MnlI

CACAGCTCTC ACTCAGCATG GCAAGGAGGA ACTTAGATTC CCTCGAGGCC AGGGCGTTCC AATCAACACC
 28290 28300 28310 28320 28330 28340 28350

>< SinI

>< Sau96I

>< NspIV

>< NspHII

>< Eco47I

>< Cfr13I

>< BsiZI

>< Bme18I

> < Ksp632I

>< AvaII

> < Eam1104I

>< AsuI

> < EarI

> < AluI>< MboII

>< MaeIII

AATAGTGGTC CAGATGACCA AATTGGCTAC TACCGAAGAG CTACCCGACG AGTTCGTGGT GGTGACGGCA
 28360 28370 28380 28390 28400 28410 28420

>< SstI

>< SduI

>< SacI

>< NspII

>< HgiAI

>< EspI

>< Eco24I

>< Ecl136II

>< DdeI

>< CelII

>< Bsp1286I

>< Bpu1102I

>< BmyI

>< BanII

>< RsaI

>< Sau96I

>< StyI

>< Pali

>< RmaI

>< NspIV

>< MaeI

>< HaeIII

>< EcoT14I >< Cfr13I

>< Eco130I >< BsuRI

>< BssTII

> < BsrI

>< BsaJI

>< BsiZI

```

>< Alw21I      >< Csp6I      >< BlnI      >< BshI>< HindIII
>< HphI    >< AluI      >< AfaI      >< AvrII    >< AsuI      >< AluI
AAATGAAAGA GCTCAGCCCC AGATGGTACT TCTATTACCT AGGAAGTGGC CCAGAAGCTT CACTTCCTTA
28430          28440          28450          28460          28470          28480          28490

>< HinP1I
>< Hin6I
>< HhaI
>< HaeII
>< CfoI              > < MnlI      >< NlaIV
>< Bsp143II         >< SfaNI   >< DdeI   >< BscBI
CGGCGCTAAC AAAGAAGGCA TCGTATGGGT TGCAACTGAG GGAGCCTTGA ATACACCCAA AGACCACATT
28500          28510          28520          28530          28540          28550          28560

>< NlaIV
>< Eco64I
>< BscBI
>< BanI
>< AciI
>< AccB1I >< BbvI      >< Fnu4HI      >< MnlI
GGCACCCGCA ATCCTAATAA CAATGCTGCC ACCGTGCTAC AACTTCCTCA AGGAACAACA TTGCCAAAAG
28570          28580          28590          28600          28610          28620          28630

>< MnlI      >< MnlI      >< MnlI      >< MaeII >< MvnI
>< BstUI ><
>< Fnu4HI      >< Ksp632I      Bsp50I ><
>< BspWI      >< EarI      >< BsaAI>< AciI
>< MnlI      >< MnlI      >< AciI>< MboII      >< Eam1104I      AccII ><
GCTTCTACGC AGAGGGAAGC AGAGGCGGCA GTCAAGCCTC TTCTCGCTCC TCATCACGTA GTCGCGGTAA
28640          28650          28660          28670          28680          28690          28700

>< ScrFI
>< MvaI
>< EcoRII
>< Ecl136I
>< DsaV>< Fnu4HI
>< BstOI
>< BstNI
>< BsiLI
>< ApyI              >< BbvI      >< TaqI      >< AciI
TTCAAGAAAT TCAACTCCTG GCAGCAGTAG GGGAAATTCT CCTGCTCGAA TGGCTAGCGG AGGTGGTGAA
28710          28720          28730          28740          28750          28760          28770

> < ThaI
> < MvnI
>< HphI    >< MnlI
> < HinP1I
> < Hin6I
>< HhaI
> < BstUI      >< RmaI      PalI ><
> < Bsp50I      >< MaeI      HaeIII ><
>< BbvI >< CfoI>< Fnu4HI      >< AluI      BsuRI ><
> < AccII>< BspWI      >< BshI ><
ACTGCCCTCG CGCTATTGCT GCTAGACAGA TTGAACCAGC TTGAGAGCAA AGTTTCTGGT AAAGGCCAAC
28780          28790          28800          28810          28820          28830          28840

RsaI ><
> < PalI>< MaeIII
> < HaeIII      >< Fnu4HI      MaeII ><
> < BsuRI      >< DdeI      >< DdeI      Csp6I ><

```

FIGURE 13.67

81/83

```

> < BshI > < BbvI >< MnlI >< BspWI >< SfaNI AfaI ><
AACACAAGG CCAAACTGTC ACTAAGAAAT CTGCTGCTGA GGCATCTAAA AAGCCTCGCC AAAAACGTAC
28850 28860 28870 28880 28890 28900 28910

>< Tth111I
>< SinI
>< Sau96I
>< NspIV
>< NspHII
> < MaeII
>< Eco47I
>< Cfr13I
>< BsmBI
>< BsiZI >< StyI
>< Bme18I >< EcoT14I
>< AvaII >< Eco130I
>< AsuI >< BssT1I
>< Alw26I> < AspI >< BsaJI
TGCCACAAAA CAGTACAACG TCACTCAAGC ATTTGGGAGA CGTGGTCCAG AACAAACCCA AGGAAATTTC
28920 28930 28940 28950 28960 28970 28980

>< SinI
>< Sau96I
>< NspIV
>< NspHII
>< NlaIV
>< Eco47I
>< Cfr13I
>< BsiZI
>< BscBI
>< Bme18I
>< AvaII
>< AsuI
>< Pali
>< HaeIII
>< GdiII
>< Fnu4HI
>< EaeI
>< BsuRI
>< BshI
>< AciI
BspWI >
>< BspWI
GGGGACCAAG ACCTAATCAG ACAAGGAACT GATTACAAAC ATTGGCCGCA AATTGCACAA TTTGCTCCAA
28990 29000 29010 29020 29030 29040 29050

>< BsmI
>< BscCI >< MnlI >< MaeIII
>< NlaIII
>< MaeIII
>< NlaIII
GTGCCTCTGC ATTCTTTGGA ATGTCACGCA TTGGCATGGA AGTCACACCT TCGGGAACAT GGCTGACTTA
29060 29070 29080 29090 29100 29110 29120

>< XhoII
>< Sau3AI
>< NdeII
>< MflI
>< MboI
>< FokI
>< Tru9I
>< DpnII
>< NlaIV
>< DpnI
>< NlaIII
>< BstYI
>< Tth111I
>< MseI
>< BspAI
>< MaeII
>< BscBI >< BstXI>< AlwI> < Bsp143I >< AspI BspWI ><
TCATGGAGCC ATTAAATTGG ATGACAAAGA TCCACAATTC AAAGACAACG TCATACTGCT GAACAAGCAC
29130 29140 29150 29160 29170 29180 29190

EspI ><
DdeI ><
CeiII ><
Bpu1102I ><
AluI ><
>< HgaI
ATTGACGCAT ACAAACATT CCCACCAACA GAGCCTAAAA AGGACAAAAA GAAAAAGACT GATGAAGCTC
29200 29210 29220 29230 29240 29250 29260

```

```

                                >< PleI
                                >< MboII
                                >< Ksp632I >< GsuI
                                >< MboII
                                >< MaeIII >< EarI>< Fnu4HI
                                >< HinfI >< Eam1104I>< BpmI
                                >< Fnu4HI >< BbvI >< AciI >< NlaIII
AGCCTTTGCC GCAGAGACAA AAGAAGCAGC CCACTGTGAC TCTTCTTCCT GCGGCTGACA TGGATGATTT
29270      29280      29290      29300      29310      29320      29330

                                >< NlaIII >< HinfI NlaIII ><
                                >< AluI >< TfiI>< DdeI >< BspHI
>< FokI
CTCCAGACAA CTTCAAAATT CCATGAGTGG AGCTTCTGCT GATTCAACTC AGGCATAAAC ACTCATGATG
29340      29350      29360      29370      29380      29390      29400

                                >< MaeII >< AccI
ACCACACAAG GCAGATGGGC TATGTAAACG TTTTCGCAAT TCCGTTTACG ATACATAGTC TACTCTTGTG
29410      29420      29430      29440      29450      29460      29470

                                >< Tru9I
                                >< Tru9I
                                >< MseI
                                >< MseI
                                >< HpaI
                                >< HindII
                                >< HincII
                                >< Tru9I ><
                                >< MseI ><
                                >< XmnI
                                >< EcoRI>< MaeIII
                                >< Asp700I >< BsgI
CAGAATGAAT TCTCGTAACT AAACAGCACA AGTAGGTTTA GTTAACTTTA ATCTCACATA GCAATCTTTA
29480      29490      29500      29510      29520      29530      29540

                                XorII >
                                TthHB8I >
                                TaqI >
                                Sau3AI ><
                                RsaI ><
                                >< ThaIPvuI >
                                NdeII ><
                                >< MnlI
                                >< MvnIMcrI >
                                MboI ><
                                DpnII ><
                                DpnI ><
                                Csp6I ><
                                >< BstUI
                                >< HaeIII BspCI >
                                BspAI ><
                                >< TthHB8I >< Bsp50I
                                >< Pali Bsp143I ><
                                >< BsuRI BsiEI >
                                >< BshIAfaI ><
                                >< MnlI
                                >< MaeIII
                                >< MnlI
                                >< TaqI >< AciI
                                >< MnlI >< AccII
ATCAATGTGT AACATTAGGG AGGACTTGAA AGAGCCACCA CATTTTCATC GAGGCCACGC GGAGTACGAT
29550      29560      29570      29580      29590      29600      29610

                                >< SduI
                                >< NspII
                                >< MboII >< VspI
                                >< Ksp632I >< Eco24I >< Tru9I
                                >< Bsp1286I >< MseI
                                >< RsaI >< RmaI >< Fnu4HI >< BmyI >< AsnI
                                >< Csp6I >< MaeI >< EarI >< BanII >< AseI
                                >< AfaI >< BbvI >< AluI>< Eam1104I

```

FIGURE 13.69

83/83

CGAGGGTACA GTGAATAATG CTAGGGAGAG CTGCCTATAT GGAAGAGCCC TAATGTGTAA AATTAATTTT
29620 29630 29640 29650 29660 29670 29680

>< Tru9I >< DdeI

>< MseI >< BfrI

>< NlaIII > < AluI

AGTAGTGCTA TCCCATGTG ATTTTAATAG CTTCTTAGGA GAATGACAAA AAAAAAAAAA AAAAAA
29690 29700 29710 29720 29730 29740

S226CAS111.ST25
SEQUENCE LISTING

<110> INSTITUT PASTEUR
CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE

<120> Utilisation des protéines et des peptides codés par le génome d'une nouvelle souche de coronavirus associé au SRAS

<130> F226CAS111

<160> 75

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 29746

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 1
atattaggtt ttacctacc caggaaaagc caaccaacct cgatctcttg tagatctgtt 60
ctctaaacga actttaaaat ctgtgtagct gtcgctcggc tgcatgccta gtgcacctac 120
gcagtataaa caataataaa tttactgtc gttgacaaga aacgagtaac tcgtccctct 180
tctgcagact gcttacgggt tcgtccgtgt tgcagtcgat catcagcata cctagggttc 240
gtccgggtgt gaccgaaagg taagatggag agccttggtc ttggtgtcaa cgagaaaaca 300
cacgtccaac tcagtttgcc tgccttcag gttagagacg tgctagtgcg tggcttcggg 360
gactctgtgg aagaggccct atcggaggca cgtgaacacc tcaaaaatgg cacttggtgt 420
ctagtagagc tggaaaaagg cgtactgccc cagcttgaac agccctatgt gttcattaaa 480
cgttctgatg ccttaagcac caatcacggc cacaaggctg ttgagctggt tgcagaaatg 540
gacggcattc agtacggctg tagcgggtata aactgggag tactcgtgcc acatgtgggc 600
gaaaccccaa ttgcataccg caatgttctt cttcgtaaga acggtataaa gggagccggg 660
ggtcatagct atggcatcga tctaaagtct tatgacttag gtgacgagct tggcactgat 720
cccattgaag attatgaaca aaactggaac actaagcatg gcagtgggtgc actccgtgaa 780
ctcactcgtg agctcaatgg aggtgcagtc actcgtatg tcgacaacaa tttctgtggc 840
ccagatgggt accctcttga ttgcatcaaa gattttctcg caccgcggg caagtcaatg 900
tgcactcttt ccgaacaact tgattacatc gagtcgaaga gaggtgtcta ctgctgccgt 960
gaccatgagc atgaaattgc ctggttact gagcgctctg ataagagcta cgagcaccag 1020
acacccttcg aaattaagag tgccaagaaa ttgacactt tcaaagggga atgccccaaag 1080
tttgtgtttc ctcttaactc aaaagtcaaa gtcattcaac cacgtgttga aaagaaaaag 1140
actgaggggt tcatggggcg tatacgtctt gtgtaccctg ttgcatctcc acaggagtgt 1200
aacaatatgc acttgtctac cttgatgaaa tgtaatcatt gcgatgaagt ttcattggcag 1260
acgtgcgact ttctgaaagc cacttgtaga cattgtggca ctgaaaattt agttattgaa 1320
ggacctacta catgtgggta cctacctact aatgctgtag tgaaaatgcc atgtcctgcc 1380

S226CAS111.ST25

tgtcaagacc	cagagattgg	acctgagcat	agtgttgcag	attatcacia	ccactcaaac	1440
attgaaactc	gactccgcaa	gggaggtagg	actagatgtt	ttggaggctg	tgtgtttgcc	1500
tatgttggct	gctataataa	gcgtgcctac	tgggttcctc	gtgctagtgc	tgatattggc	1560
tcaggccata	ctggcattac	tggtgacaat	gtggagacct	tgaatgagga	tctccttgag	1620
atactgagtc	gtgaacgtgt	taacattaac	attgttggcg	atcttcattt	gaatgaagag	1680
gttgccatca	ttttggcatc	tttctctgct	tctacaagtg	cctttattga	cactataaag	1740
agtcttgatt	acaagtcttt	caaaaccatt	gttgagtcct	gcggttaacta	taaagttacc	1800
aagggaaagc	ccgtaaaagg	tgcttggaac	attggacaac	agagatcagt	tttaacacca	1860
ctgtgtgggt	ttccctcaca	ggctgctggt	gttatcagat	caatctttgc	gcgcacacctt	1920
gatgcagcaa	accactcaat	tcctgatttg	caaagagcag	ctgtcaccat	acttgatggt	1980
atctctgaac	agtcattacg	tcttgtcgac	gccatgggtt	atacttcaga	cctgctcacc	2040
aacagtgtca	ttattatggc	atatgtaact	ggtggctctg	tacaacagac	ttctcagtgg	2100
ttgtctaate	ttttgggcac	tactgttgaa	aaactcaggc	ctatctttga	atggattgag	2160
gcgaaactta	gtgcaggagt	tgaatttctc	aaggatgctt	gggagattct	caaatttctc	2220
attacagggt	tttttgacat	cgtcaagggt	caaatacagg	ttgcttcaga	taacatcaag	2280
gattgtgtaa	aatgcttcat	tgatgttggt	aacaaggcac	tcgaaatgtg	cattgatcaa	2340
gtcactatcg	ctggcgcaaa	gttgcgatca	ctcaacttag	gtgaagtctt	catcgctcaa	2400
agcaagggac	tttaccgtca	gtgtatacgt	ggcaaggagc	agctgcaact	actcatgcct	2460
cttaaggcac	caaaagaagt	aacctttctt	gaagggtgatt	cacatgacac	agtacttacc	2520
tctgaggagg	ttgttctcaa	gaacgggtgaa	ctcgaagcac	tcgagacgcc	cgttgatagc	2580
ttcacaaatg	gagctatcgt	tggcacacca	gtctgtgtaa	atggcctcat	gctcttagag	2640
attaaggaca	aagaacaata	ctgcgcattg	tctcctgggt	tactggctac	aaacaatgtc	2700
tttcgcttaa	aaggggggtg	accaattaaa	ggtgtaacct	ttggagaaga	tactgtttgg	2760
gaagttcaag	gttacaagaa	tgtgagaatc	acatttgagc	ttgatgaacg	tgttgacaaa	2820
gtgcttaatg	aaaagtgtc	tgtctacact	gttgaatccg	gtaccgaagt	tactgagttt	2880
gcatgtgttg	tagcagaggc	tgttgtgaag	actttacaac	cagtttctga	tctccttacc	2940
aacatgggta	ttgatcttga	tgagtggagt	gtagctacat	tctacttatt	tgatgatgct	3000
ggtgaagaaa	acttttcatc	acgtatgtat	tgttcctttt	accctccaga	tgaggaagaa	3060
gaggacgatg	cagagtgtga	ggaagaagaa	attgatgaaa	cctgtgaaca	tgagtacggt	3120
acagaggatg	attatcaagg	tctccctctg	gaatttggtg	cctcagctga	aacagttcga	3180
gttgaggaag	aagaagagga	agactggctg	gatgatacta	ctgagcaatc	agagattgag	3240
ccagaaccag	aacctacacc	tgaagaacca	gttaatcagt	ttactgggta	tttaaaactt	3300
actgacaatg	ttgccattaa	atgtgttgac	atcggttaagg	aggcaciaag	tgctaatacct	3360
atggtgattg	taaagtctgc	taacatacac	ctgaaacatg	gtgggtggtg	agcagggtgca	3420

S226CAS111.ST25

ctcaacaagg	caaccaatgg	tgccatgcaa	aaggagagtg	atgattacat	taagctaaat	3480
ggccctctta	cagtaggagg	gtcttgtttg	ctttctggac	ataatcttgc	taagaagtgt	3540
ctgcatgttg	ttggacctaa	cctaaatgca	ggtgaggaca	tccagcttct	taaggcagca	3600
tatgaaaatt	tcaattcaca	ggacatctta	cttgcaccat	tgttgtcagc	aggcatattt	3660
ggtgctaaac	cacttcagtc	tttacaagtg	tgctgtcaga	cggttcgtac	acaggtttat	3720
attgcagtca	atgacaaagc	tctttatgag	caggttgtca	tggattatct	tgataacctg	3780
aagcctagag	tggaagcacc	taaacaagag	gagccaccaa	acacagaaga	ttccaaaact	3840
gaggagaaat	ctgtcgtaca	gaagcctgtc	gatgtgaagc	caaaaattaa	ggcctgcatt	3900
gatgaggtta	ccacaacact	ggaagaaact	aagtttctta	ccaataagtt	actcttgttt	3960
gctgatatca	atggtaagct	ttaccatgat	tctcagaaca	tgcttagagg	tgaagatatg	4020
tctttccttg	agaaggatgc	accttacatg	gtaggtgatg	ttatcactag	tggtgatatc	4080
acttggttg	taataccctc	caaaaaggct	ggtggcacta	ctgagatgct	ctcaagagct	4140
ttgaagaaag	tgccagttga	tgagtatata	accacgtacc	ctggacaagg	atgtgctggt	4200
tatacacttg	aggaagctaa	gactgctctt	aagaaatgca	aatctgcatt	ttatgtacta	4260
ccttcagaag	cacctaatgc	taaggaagag	attctaggaa	ctgtatcctg	gaatttgaga	4320
gaaatgcttg	ctcatgctga	agagacaaga	aaattaatgc	ctatatgcat	ggatgttaga	4380
gccataatgg	caaccatcca	acgtaagtat	aaaggaatta	aaattcaaga	gggcatcggt	4440
gactatggtg	tccgattctt	cttttatact	agtaaagagc	ctgtagcttc	tattattacg	4500
aagctgaact	ctctaaatga	gccgcttggtc	acaatgccaa	ttggttatgt	gacacatggt	4560
tttaatcttg	aagaggctgc	gcgctgtatg	cgttctctta	aagctcctgc	cgtagtgtca	4620
gtatcatcac	cagatgctgt	tactacatat	aatggatacc	tcacttcgtc	atcaaagaca	4680
tctgaggagc	actttgtaga	aacagtttct	ttggctggct	cttacagaga	ttggtcctat	4740
tcaggacagc	gtacagagtt	aggtgttgaa	tttcttaagc	gtggtgacaa	aattgtgtac	4800
cacactctgg	agagccccgt	cgagtttcat	cttgacggtg	aggttctttc	acttgacaaa	4860
ctaaagagtc	tcttatccct	gcgggaggtt	aagactataa	aagtgttcac	aactgtggac	4920
aacactaatc	tccacacaca	gcttggtgat	atgtctatga	catatggaca	gcagtttggt	4980
ccaacatact	tggatggtgc	tgatgttaca	aaaattaaac	ctcatgtaaa	tcatgagggt	5040
aagactttct	ttgtactacc	tagtgatgac	acactacgta	gtgaagcttt	cgagtactac	5100
catactcttg	atgagagttt	tcttggtagg	tacatgtctg	ctttaaacca	cacaaagaaa	5160
tggaattttc	ctcaagttgg	tggttttaact	tcaattaaat	gggctgataa	caattgttat	5220
ttgtctagt	ttttattagc	acttcaacag	cttgaagtca	aattcaatgc	accagcactt	5280
caagaggctt	attatagagc	ccgtgctggt	gatgctgcta	acttttgtgc	actcactctc	5340
gcttacagta	ataaaactgt	tggcgagctt	ggtgatgtca	gagaaactat	gacctatctt	5400
ctacagcatg	ctaatttgga	atctgcaaag	cgagttctta	atgtggtgtg	taaacattgt	5460

S226CAS111.ST25

ggtcagaaaa ctactacctt aacgggtgta gaagctgtga tgtatatggg tactctatct 5520
 tatgataatc ttaagacagg tgtttccatt ccatgtgtgt gtggctgtga tgctacacaa 5580
 tatctagtag aacaagagtc ttcttttgtt atgatgtctg caccacctgc tgagtataaa 5640
 ttacagcaag gtacattctt atgtgcgaat gagtacactg gtaactatca gtgtgggtcat 5700
 tacactcata taactgctaa ggagaccctc tatcgtattg acggagctca ccttacaaag 5760
 atgtcagagt acaaaggacc agtgactgat gttttctaca aggaaacatc ttacactaca 5820
 accatcaagc ctgtgtcgtg taaactcgat ggagttactt acacagagat tgaacaaaaa 5880
 ttggatgggt attataaaaa ggataatgct tactatacag agcagcctat agaccttgta 5940
 ccaactcaac cattacaaa tgcgagtttt gataatttca aactcacatg ttctaacaca 6000
 aaatttgctg atgatttaaa tcaaattgaca ggcttcacaa agccagcttc acgagagcta 6060
 tctgtcacat tcttccaga cttgaatggc gatgtagtgg ctattgacta tagacactat 6120
 tcagcgagtt tcaagaaagg tgctaaatta ctgcataagc caattgtttg gcacattaac 6180
 caggctacaa ccaagacaac gttcaaacca aacacttggt gtttacgttg tctttggagt 6240
 acaaagccag tagatacttc aaattcattt gaagttctgg cagtagaaga cacacaagga 6300
 atggacaatc ttgcttgta aagtcaacaa cccacctctg aagaagtagt ggaaaatcct 6360
 accatacaga aggaagtcac agagtgtgac gtgaaaacta ccgaagttgt aggcaatgtc 6420
 atacttaaac catcagatga aggtgttaaa gtaacacaag agttagggtca tgaggatctt 6480
 atggctgctt atgtggaaaa cacaagcatt accattaaga aacctaata gctttcacta 6540
 gccttaggtt taaaaacaat tgccactcat ggtattgctg caattaatag tgttccttgg 6600
 agtaaaattt tggcttatgt caaaccattc ttaggacaag cagcaattac aacatcaa 6660
 tgcgctaaga gattagcaca acgtgtgttt aacaattata tgccttatgt gtttacatta 6720
 ttgttccaat tgtgtacttt tactaaaagt accaattcta gaattagagc ttcactacct 6780
 acaactattg ctaaaaatag tgtaagagt gttgctaaat tatgtttgga tgccggcatt 6840
 aattatgtga agtcaccaa attttctaaa ttgttcacaa tcgctatgtg gctattgttg 6900
 ttaagtattt gcttaggttc tctaactctg gtaactgctg cttttggtgt actcttatct 6960
 aattttggtg ctccttctta ttgtaatggc gttagagaat tgtatcttaa ttcgtctaac 7020
 gttactacta tggatttctg tgaaggttct tttccttgca gcatttggtt aagtggatta 7080
 gactcccttg attcttatcc agctcttgaa accattcagg tgacgatttc atcgtacaag 7140
 ctagacttga caattttagg tctggccgct gagtgggttt tggcatatat gttgttcaca 7200
 aaattctttt atttattagg tctttcagct ataatgcagg tgttctttgg ctattttgct 7260
 agtcatttca tcagcaattc ttggctcatg tggtttatca ttagtattgt acaaatggca 7320
 cccgtttctg caatgggttag gatgtacatc ttctttgctt ctttctacta catatggaag 7380
 agctatgttc atatcatgga tgggtgcacc tcttcgactt gcatgatgtg ctataagcgc 7440
 aatcgtgccca cacgcgttga gtgtacaact attgttaatg gcatgaagag atctttctat 7500

S226CAS111.ST25

gtctatgcaa atggaggccg tggcttctgc aagactcaca attggaattg tctcaattgt	7560
gacacatttt gcaactggtag tacattcatt agtgatgaag ttgctcgtga tttgtcactc	7620
cagtttaaaa gaccaatcaa ccttactgac cagtcacgt atattgttga tagtggtgct	7680
gtgaaaaatg gcgcgcttca ccttacttt gacaaggctg gtcaaaagac ctatgagaga	7740
catccgctct cccattttgt caatttagac aatttgagag ctaacaacac taaagggttca	7800
ctgcctatta atgtcatagt ttttgatggc aagtccaaat gcgacgagtc tgcttctaag	7860
tctgcttctg tgtactacag tcagctgatg tgccaaccta ttctgttgct tgaccaagct	7920
cttgtatcag acgttggaga tagtactgaa gtttccgtta agatgtttga tgcttatgtc	7980
gacacctttt cagcaacttt tagtgttcct atggaaaaac ttaaggcact tgttgctaca	8040
gctcacagcg agttagcaaa ggggtgtagct ttagatggtg tcctttctac attcgtgtca	8100
gctgcccgcac aagggtgttgt tgataccgat gttgacacaa aggatgttat tgaatgtctc	8160
aaactttcac atcactctga cttagaagtg acagggtgaca gttgtaacaa tttcatgctc	8220
acctataata aggttgaaaa catgacgccc agagatcttg gcgcatgtat tgactgtaat	8280
gcaaggcata tcaatgcccc agtagcaaaa agtcacaatg tttcactcat ctggaatgta	8340
aaagactaca tgtctttatc tgaacagctg cgtaaacaaa ttcgtagtgc tgccaagaag	8400
aacaacatac ctttttagact aacttgtgct acaactagac aggttgtcaa tgtcataact	8460
actaaaatct cactcaaggg tggtaagatt gttagtactt gttttaaact tatgcttaag	8520
gccacattat tgtgcgttct tgctgcattg gtttgttata tcgttatgcc agtacataca	8580
ttgtcaatcc atgatgggtta cacaaatgaa atcattgggtt acaaagccat tcaggatggt	8640
gtcactcgtg acatcatttc tactgatgat tgttttgcaa ataaacatgc tggttttgac	8700
gcatggttta gccagcgtgg tggttcatac aaaaatgaca aaagctgccc tgtagtagct	8760
gctatcatta caagagagat tggtttcata gtgcctggct taccgggtac tgtgctgaga	8820
gcaatcaatg gtgacttctt gcattttcta cctcgtgttt ttagtgctgt tggcaacatt	8880
tgctacacac cttccaaact cattgagtat agtgattttg ctacctctgc ttgcgttctt	8940
gctgctgagt gtacaatttt taaggatgct atgggcaaac ctgtgccata ttgttatgac	9000
actaatttgc tagagggttc tatttcttat agtgagcttc gtccagacac tcgttatgtg	9060
cttatggatg gttccatcat acagtttcct aacacttacc tggagggttc tgttagagta	9120
gtaacaactt ttgatgctga gtactgtaga catggtacat gcgaaaggtc agaagtaggt	9180
at ttgcctat ctaccagtgg tagatgggtt cttaataatg agcattacag agctctatca	9240
ggagttttct gtggtgttga tgcgatgaat ctcatagcta acatctttac tcctcttggtg	9300
caacctgtgg gtgctttaga tgtgtctgct tcagtagtgg ctggtggtat tattgccata	9360
ttggtgactt gtgctgccta ctactttatg aaattcagac gtgtttttgg tgagtacaac	9420
catgttggtg ctgctaattg acttttggtt ttgatgtctt tcactatact ctgtctggta	9480
ccagcttaca gctttctgcc gggagtctac tcagtccttt acttgactt gacattctat	9540

S226CAS111.ST25

ttcaccaatg atgtttcatt cttggctcac cttcaatggt ttgccatggt ttctcctatt	9600
gtgccttttt ggataacagc aatctatgta ttctgtattt ctctgaagca ctgccattgg	9660
ttctttaaca actatcttag gaaaagagtc atgtttaatg gagttacatt tagtaccttc	9720
gaggaggctg ctttgtgtac ctttttgctc aacaaggaaa tgtacctaaa attgcgtagc	9780
gagacactgt tgccacttac acagtataac aggtatcttg ctctatataa caagtacaag	9840
tatttcagtg gagccttaga tactaccagc tatcgtgaag cagcttgctg ccacttagca	9900
aaggctctaa atgacttttag caactcaggt gctgatgttc tctaccaacc accacagaca	9960
tcaatcactt ctgctgttct gcagagtggg tttaggaaaa tggcattccc gtcaggcaaa	10020
gttgaagggg gcatggtaca agtaacctgt ggaactacaa ctcttaatgg attgtggttg	10080
gatgacacag tatactgtcc aagacatgtc atttgcacag cagaagacat gcttaatcct	10140
aactatgaag atctgctcat tcgcaaacc aaccatagct ttcttggtca ggctggcaat	10200
gttcaacttc gtgttattgg ccattctatg caaattgtc tgcttaggct taaagttgat	10260
acttctaacc ctaagacacc caagtataaa tttgtccgta tccaacctgg tcaaacattt	10320
tcagttctag catgctacaa tggttcacca tctggtgttt atcagtgtgc catgagacct	10380
aatcatacca ttaaagggtt tttccttaat ggatcatgtg gtagtggttg ttttaacatt	10440
gattatgatt gcgtgtcttt ctgctatatg catcatatgg agcttccaac aggagtacac	10500
gctggtactg acttagaagg taaattctat ggtccatttg ttgacagaca aactgcacag	10560
gctgcaggta cagacacaac cataacatta aatgttttgg catggctgta tgctgctgtt	10620
atcaatggtg ataggtggtt tcttaataga ttcaccacta ctttgaatga ctttaacctt	10680
gtggcaatga agtacaacta tgaaccttg acacaagatc atgttgacat attgggacct	10740
ctttctgctc aaacaggaat tgccgtctta gatatgtgtg ctgctttgaa agagctgctg	10800
cagaatggta tgaatggctg tactatcctt ggtagcacta ttttagaaga tgagtttaca	10860
ccatttgatg ttgttagaca atgctctggt gttaccttc aaggtaagtt caagaaaatt	10920
gttaagggca ctcatcattg gatgctttta actttcttga catcactatt gattcttggt	10980
caaagtacac agtggtcact gtttttcttt gtttacgaga atgctttctt gccatttact	11040
cttgggtatta tggcaattgc tgcattgtct atgctgcttg ttaagcataa gcacgcattc	11100
ttgtgcttgt ttctgttacc ttctcttgca acagttgctt actttaatat ggtctacatg	11160
cctgctagct ggggtgatgc tatcatgaca tggcttgaat tggctgacac tagcttgtct	11220
ggttataggc ttaaggattg tgttatgtat gcttcagctt tagttttgct tattctcatg	11280
acagctcgca ctgtttatga tgatgctgct agacgtgtt ggacactgat gaatgtcatt	11340
acacttgttt acaaggtcta ctatggtaat gctttagatc aagctatttc catgtgggcc	11400
ttagttatct ctgtaacctc taactattct ggtgtcgta cgactatcat gtttttagct	11460
agagctatag tgtttggtg tgttgagtat taccattgt tatttattac tggcaacacc	11520
ttacagtgtg tcatgcttgt ttattgtttc ttaggctatt gttgctgctg ctactttggc	11580

S226CAS111.ST25

cttttctggt tactcaaccg ttacttcagg ctactcttg gtgtttatga ctacttggtc 11640
 tctacacaag aatttaggta tatgaactcc caggggcttt tgcctcctaa gagtagtatt 11700
 gatgctttca agcttaacat taagttgttg ggtattggag gtaaaccatg tatcaagggt 11760
 gctactgtac agtctaaaat gtctgacgta aagtgcacat ctgtggtact gctctcggtt 11820
 cttcaacaac ttagagtaga gtcctcttct aaattgtggg cacaatgtgt acaactccac 11880
 aatgatattc ttcttgcaaa agacacaact gaagctttcg agaagatggt ttctcttttg 11940
 tctgttttgc tatccatgca ggggtgctga gacattaata ggttggtgca ggaaatgctc 12000
 gataaccgtg ctactcttca ggctattgct tcagaattta gttctttacc atcatatgcc 12060
 gcttatgccca ctgccagga ggcctatgag caggctgtag ctaatggtga ttctgaagtc 12120
 gttctcaaaa agttaaagaa atctttgaat gtggctaaat ctgagtttga ccgtgatgct 12180
 gccatgcaac gcaagttgga aaagatggca gatcaggcta tgacccaaat gtacaaacag 12240
 gcaagatctg aggacaagag ggcaaaagta actagtgcta tgcaaacaat gctcttcact 12300
 atgcttagga agcttgataa tgatgcactt aacaacatta tcaacaatgc gcgtgatggt 12360
 tgtgttccac tcaacatcat accattgact acagcagcca aactcatggt tgttgtccct 12420
 gattatggta cctacaagaa cacttgatgat ggtaacacct ttacatatgc atctgcactc 12480
 tgggaaatcc agcaagttgt tgatgcggat agcaagattg ttcaacttag tgaaattaac 12540
 atggacaatt caccaaattt ggcttggcct cttattgtta cagctctaag agccaactca 12600
 gctgttaaac tacagaataa tgaactgagt ccagtagcac tacgacagat gtctgtgctg 12660
 gctggtacca cacaacagc ttgtactgat gacaatgcac ttgcctacta taacaattcg 12720
 aagggaggta ggtttgtgct ggcattacta tcagaccacc aagatctcaa atgggctaga 12780
 ttccctaaga gtgatggtac aggtacaatt tacacagaac tggaaccacc ttgtaggttt 12840
 gttacagaca caccaaagg gcctaaagtg aaatacttgt acttcatcaa aggcttaaac 12900
 aacctaata gaggtatggt gctgggcagt ttagctgcta cagtacgtct tcaggctgga 12960
 aatgctacag aagtacctgc caattcaact gtgctttcct tctgtgcttt tgcagtagac 13020
 cctgctaaag catataagga ttacctagca agtggaggac aaccaatcac caactgtgtg 13080
 aagatgttgt gtacacacac tggtagagga caggcaatta ctgtaacacc agaagctaac 13140
 atggaccaag agtccttttg tggtagcttca tgttgtctgt attgtagatg ccacattgac 13200
 catccaaatc ctaaaggatt ctgtgacttg aaaggtaagt acgtccaaat acctaccact 13260
 tgtgctaag acccagtggg ttttacactt agaaacacag tctgtaccgt ctgcggaatg 13320
 tggaaagggt atggctgtag ttgtgaccaa ctccgcgaac ccttgatgca gtctgcggat 13380
 gcatcaacgt ttttaaaccg gtttgcggtg taagtgcagc ccgtcttaca ccgtgcggca 13440
 caggcactag tactgatgtc gtctacaggg cttttgatat ttacaacgaa aaagttgctg 13500
 gttttgcaaa gttcctaaaa actaattgct gtcgcttcca ggagaaggat gaggaaggca 13560
 atttattaga ctcttacttt gtagttaaga ggcatactat gtctaactac caacatgaag 13620

S226CAS111.ST25

agactatttta taacttggtt aaagattgtc cagcggttgc tgtccatgac tttttcaagt 13680
 ttagagtaga tggtagacatg gtaccacata tatcacgtca gcgtctaact aaatacacaa 13740
 tggctgattt agtctatgct ctacgtcatt ttgatgaggg taattgtgat acattaaaag 13800
 aaatactcgt cacatacaat tgctgtgatg atgattatth caataagaag gattggtatg 13860
 acttcgtaga gaatcctgac atcttacgcg tatatgctaa cttagggtgag cgtgtacgcc 13920
 aatcattatt aaagactgta caattctgcg atgctatgcg tgatgcaggc attgtaggcg 13980
 tactgacatt agataatcag gatcttaatg ggaactggta cgatttcggt gatttcgtac 14040
 aagtagcacc aggctgcgga gttcctattg tggattcata ttactcattg ctgatgcccc 14100
 tcctcacttt gactagggca ttggctgctg agtcccatat ggatgctgat ctgcgaaaac 14160
 cacttattaa gtgggatttg ctgaaatatg attttacgga agagagactt tgtctcttcg 14220
 accgttattt taaatattgg gaccagacat accatcccaa ttgtattaac tgtttggatg 14280
 atagggtgat ccttcattgt gcaaaacttta atgtgttatt ttctactgtg tttccaccta 14340
 caagttttgg accactagta agaaaaatat ttgtagatgg tgttcctttt gttgtttcaa 14400
 ctggatacca ttttcgtgag ttaggagtcg tacataatca ggatgtaaac ttacatagct 14460
 cgcgtctcag tttcaaggaa ctttttagtgt atgctgctga tccagctatg catgcagctt 14520
 ctggcaattt attgctagat aaacgcacta catgcttttc agtagctgca ctaacaaaca 14580
 atgttgcttt tcaaactgtc aaaccggta attttaataa agacttttat gactttgctg 14640
 tgtctaaagg tttctttaag gaaggaagtt ctgttgaact aaaacacttc ttctttgctc 14700
 aggatggcaa cgctgctatc agtgattatg actattatcg ttataatctg ccaacaatgt 14760
 gtgatatcag acaactccta ttcgtagttg aagttgttga taaatacttt gattgttacg 14820
 atgggtggctg tattaatgcc aaccaagtaa tcgttaacaa tctggataaa tcagctgggt 14880
 tcccatttaa taaatggggg aaggctagac tttattatga ctcaatgagt tatgaggatc 14940
 aagatgcact tttcgcgtat actaagcgta atgtcatccc tactataact caaatgaatc 15000
 ttaagtatgc cattagtgc aagaatagag ctgcgaccgt agctgggtgtc tctatctgta 15060
 gtactatgac aaatagacag tttcatcaga aattattgaa gtcaatagcc gccactagag 15120
 gagctactgt ggtaattgga acaagcaagt tttacgggtg ctggcataat atgttaaaaa 15180
 ctgtttacag tgatgtagaa actccacacc ttatgggttg ggattatcca aaatgtgaca 15240
 gagccatgcc taacatgctt aggataatgg cctctcttgt tcttgctcgc aaacataaca 15300
 cttgctgtaa cttatcacac cgtttctaca ggtagctaa cgagtgtgcg caagtattaa 15360
 gtgagatggg catgtgtggc ggctcactat atgttaaacc aggtggaaca tcatccggtg 15420
 atgctacaac tgcttatgct aatagtgtct ttaacatttg tcaagctgtt acagccaatg 15480
 taaatgcact tctttcaact gatggtaata agatagctga caagtatgtc cgcaatctac 15540
 aacacaggct ctatgagtgt ctctatagaa atagggatgt tgatcatgaa ttcgtggatg 15600
 agttttacgc ttacctgcgt aaacatttct ccatgatgat tctttctgat gatgccgttg 15660

S226CAS111.ST25

tgtgctataa cagtaactat gcggctcaag gtttagtagc tagcattaag aactttaagg 15720
 cagttcttta ttatcaaat aatgtgttca tgtctgaggc aaaatgttgg actgagactg 15780
 accttactaa aggacctcac gaattttgct cacagcatac aatgctagtt aaacaaggag 15840
 atgattacgt gtacctgcct taccagatc catcaagaat attaggcgca ggctgttttg 15900
 tcgatgatat tgtcaaaaca gatggtacac ttatgattga aaggttcgtg tcaactggcta 15960
 ttgatgctta cccacttaca aaacatccta atcaggagta tgctgatgtc tttcacttgt 16020
 atttacaata cattagaaag ttacatgatg agcttactgg ccacatgttg gacatgtatt 16080
 ccgtaatgct aactaatgat aacacctcac ggtactggga acctgagttt tatgaggcta 16140
 tgtacacacc acatacagtc ttgcaggctg taggtgcttg tgtattgtgc aattcacaga 16200
 cttcacttcg ttgcggtgcc tgtattagga gaccattcct atgttgcaag tgctgctatg 16260
 accatgtcat ttcaacatca cacaattag tgttgctgtg taatccctat gtttgcaatg 16320
 cccaggttg tgatgtcact gatgtgacac aactgtatct aggaggtag agctattatt 16380
 gcaagtcaca taagcctccc attagttttc cattatgtgc taatggtcag gtttttggtt 16440
 tatacaaaaa cacatgtgta ggcagtgaca atgtcactga cttcaatgcg atagcaacat 16500
 gtgattggac taatgctggc gattacatac ttgccaacac ttgtactgag agactcaagc 16560
 ttttcgcagc agaaacgctc aaagccactg aggaaacatt taagctgtca tatggtattg 16620
 ccactgtacg cgaagtactc tctgacagag aattgcatct tcatgggag gttggaaaac 16680
 ctagaccacc attgaacaga aactatgtct ttactgggta ccgtgtaact aaaaatagta 16740
 aagtacagat tggagagtac acctttgaaa aagggtgacta tgggtgatgct gttgtgtaca 16800
 gaggtactac gacatacaag ttgaatgttg gtgattactt tgtgttgaca tctcacactg 16860
 taatgccact tagtgacact actctagtgc cacaagagca ctatgtgaga attactggct 16920
 tgtaccaaac actcaacatc tcagatgagt tttctagcaa tgttgcaaat tatcaaaagg 16980
 tcggcatgca aaagtactct aactccaag gaccacctgg tactggtaag agtcattttg 17040
 ccatcggact tgctctctat tacccatctg ctgcgatagt gtatacggca tgctctcatg 17100
 cagctgttga tgccctatgt gaaaaggcat taaaatattt gcccatagat aaatgtagta 17160
 gaatcatacc tgcgcgtgcg cgcgtagagt gttttgataa attcaaagtg aattcaacac 17220
 tagaacagta tgttttctgc actgtaaatg cattgccaga aacaactgct gacattgtag 17280
 tctttgatga aatctctatg gctactaatt atgacttgag tgttgtcaat gctagacttc 17340
 gtgcaaaaaca ctacgtctat attggcgatc ctgctcaatt accagcccc cgcacattgc 17400
 tgactaaagg cacactagaa ccagaatatt ttaattcagt gtgcagactt atgaaaacaa 17460
 taggtccaga catgttcctt ggaacttgct gccgttgctc tgctgaaatt gttgacactg 17520
 tgagtgcctt agtttatgac aataagctaa aagcacacaa ggataagtca gctcaatgct 17580
 tcaaatggt ctacaaagggt gttattacac atgatgtttc atctgcaatc aacagacctc 17640
 aaataggcgt tgtaagagaa tttcttacac gcaatcctgc ttggagaaaa gctgttttta 17700

S226CAS111.ST25

tctcacctta taattcacag aacgctgtag cttcaaaaat cttaggattg cctacgcaga 17760
ctgttgattc atcacagggt tctgaatatg actatgtcat attcacacaa actactgaaa 17820
cagcacactc ttgtaatgtc aaccgcttca atgtggctat cacaagggca aaaattggca 17880
ttttgtgcat aatgtctgat agagatcttt atgacaaact gcaatttaca agtctagaaa 17940
taccacgtcg caatgtggct acattacaag cagaaaatgt aactggactt ttttaaggact 18000
gtagtaagat cattactggg cttcatccta cacaggcacc tacacacctc agcgttgata 18060
taaagttcaa gactgaagga ttatgtgttg acataccagg cataccaaag gacatgacct 18120
accgtagact catctctatg atggggttca aaatgaatta ccaagtcaat ggttacccta 18180
atatgtttat caccgcgaa gaagctattc gtcacgttcg tgcgtggatt ggctttgatg 18240
tagagggctg tcatgcaact agagatgctg tgggtactaa cctacctctc cagctaggat 18300
tttctacagg tgtaactta gtagctgtac cgactgggta tgttgacact gaaaataaca 18360
cagaattcac cagagttaat gcaaaacctc caccagggtga ccagtttaaa catcttatac 18420
cactcatgta taaaggcttg ccttggaatg tagtgcgat taagatagta caaatgctca 18480
gtgatacact gaaaggattg tcagacagag tcgtgttcgt cctttgggcg catggccttg 18540
agcttacatc aatgaagtac tttgtcaaga ttggacctga aagaacgtgt tgtctgtgtg 18600
acaaacgtgc aacttgcttt tctacttcat cagatactta tgcctgctgg aatcattctg 18660
tggggtttga ctatgtctat aaccatttta tgattgatgt tcagcagtgg ggctttacgg 18720
gtaaccttca gagtaaccat gaccaacatt gccagggtaca tggaaatgca catgtggcta 18780
gttgtgatgc tatcatgact agatgtttag cagtccatga gtgctttgtt aagcgcgttg 18840
attggtctgt tgaataccct attataggag atgaactgag ggtaattct gcttgcagaa 18900
aagtacaaca catggttgtg aagtctgcat tgcttgctga taagtttcca gttcttcatg 18960
acattggaaa tccaaaggct atcaagtgtg tgcctcaggc tgaagtagaa tggaagtctt 19020
acgatgctca gccatgtagt gacaaagctt acaaaataga ggaactcttc tattcttatg 19080
ctacacatca cgataaattc actgatgggtg tttgtttgtt ttggaattgt aacgttgatc 19140
gttaccagc caatgcaatt gtgtgtaggt ttgacacaag agtcttgta aacttgaact 19200
taccaggctg tgatgggtgg agtttgtatg tgaataagca tgcattccac actccagctt 19260
tcgataaaag tgcatttact aatttaaagc aattgccttt cttttactat tctgatagtc 19320
cttgtgagtc tcatggcaaa caagtagtgt cggatattga ttatgttcca ctcaaactg 19380
ctacgtgtat tacacgatgc aatttaggtg gtgctgtttg cagacaccat gcaaatgagt 19440
accgacagta cttggatgca tataatatga tgatttctgc tggatttagc ctatggattt 19500
acaaacaatt tgatacttat aacctgtgga atacatttac cagggttacag agtttagaaa 19560
atgtggctta taatgttggt aataaaggac actttgatgg acacgccggc gaagcacctg 19620
tttccatcat taataatgct gtttacacaa aggtagatgg tattgatgtg gagatctttg 19680
aaaataagac aacacttcct gttaatgttg catttgagct ttgggctaag cgtaacatta 19740

S226CAS111.ST25

aaccagtgcc agagattaag atactcaata atttgggtgt tgatatcgct gctaatactg 19800
taatctggga ctacaaaaga gaagccccag cacatgtatc tacaataggt gtctgcacaa 19860
tgactgacat tgccaagaaa cctactgaga gtgcttggtt ttcacttact gtcttggttg 19920
atggtagagt ggaaggacag gtagaccttt ttagaaacgc ccgtaatggg gttttaataa 19980
cagaagggtt agtcaaaggc ctaacacctt caaagggacc agcacaagct agcgtcaatg 20040
gagtcacatt aattggagaa tcagtaaaaa cacagtttaa ctactttaag aaagtagacg 20100
gcattattca acagttgcct gaaacctact ttactcagag cagagactta gaggatttta 20160
agcccagatc acaaatggaa actgactttc tcgagctcgc tatggatgaa ttcatacagc 20220
gatataagct cgagggctat gccttcgaac acatcgttta tggagatttc agtcatggac 20280
aacttggcgg tcttcattta atgataggct tagccaagcg ctcaacaagat tcaccactta 20340
aattagagga ttttatccct atggacagca cagtgaaaaa ttacttcata acagatgcgc 20400
aaacagggtt atcaaaatgt gtgtgttctg tgattgatct tttacttgat gactttgtcg 20460
agataataaa gtcacaagat ttgtcagtga tttcaaaagt ggtcaagggtt acaattgact 20520
atgctgaaat ttcattcatg ctttgggtga aggatggaca tgttgaaacc ttctaccaa 20580
aactacaagc aagtcaagcg tggcaaccag gtgttgcgat gcctaacttg tacaagatgc 20640
aaagaatgct tcttgaaaag tgtgacctc agaattatgg tgaaaatgct gttataccaa 20700
aaggaataat gatgaatgtc gcaaagtata ctcaactgtg tcaataactta aatacactta 20760
ctttagctgt accctacaac atgagagtta ttcactttgg tgctggctct gataaaggag 20820
ttgcaccagg tacagctgtg ctcaagacaat ggttgccaac tggcacacta cttgtcgatt 20880
cagatcttaa tgacttcgtc tccgacgcag attctacttt aattggagac tgtgcaacag 20940
tacatacggc taataaatgg gaccttatta ttagcgatat gtatgacctt aggaccaaac 21000
atgtgacaaa agagaatgac tctaaagaag ggtttttcac ttatctgtgt ggatttataa 21060
agcaaaaact agccctgggt ggttctatag ctgtaaagat aacagagcat tcttggaatg 21120
ctgaccttta caagcttatg ggccatttct catggtggac agcttttggt acaaatgtaa 21180
atgcatcatc atcgaagca tttttaattg gggctaacta tcttggaag ccgaaggaa 21240
aaattgatgg ctataccatg catgctaact acattttctg gaggaacaca aatcctatcc 21300
agttgtcttc ctattcactc tttgacatga gcaaatttcc tcttaaatta agaggaactg 21360
ctgtaatgtc tcttaaggag aatcaaatca atgatatgat ttattctctt ctggaaaaag 21420
gtaggcttat cattagagaa aacaacagag ttgtgggttc aagtgatatt cttgttaaca 21480
actaaacgaa catgttttatt ttcttattat ttcttactct cactagtggg agtgaccttg 21540
accggtgcac cacttttgat gatgttcaag ctccctaatta cactcaacat acttcatcta 21600
tgaggggggt ttactatcct gatgaaattt ttagatcaga cactctttat ttaactcagg 21660
atatttttct tccattttat tctaattgta cagggtttca tactattaat catacgtttg 21720
gcaaccctgt catacctttt aaggatggta tttattttgc tgccacagag aaatcaaatg 21780

S226CAS111.ST25

ttgtccgtgg	ttgggttttt	ggttctacca	tgaacaacaa	gtcacagtcg	gtgattatta	21840
ttaacaattc	tactaatgtt	gttatacgag	catgtaactt	tgaattgtgt	gacaaccctt	21900
tctttgctgt	ttctaaaccc	atgggtacac	agacacatac	tatgatattc	gataatgcat	21960
ttaattgcac	tttcgagtac	atatctgatg	ccttttcgct	tgatgtttca	gaaaagtcag	22020
gtaattttta	acacttacga	gagtttgtgt	ttaaaaataa	agatgggttt	ctctatgttt	22080
ataagggcta	tcaacctata	gatgtagttc	gtgatctacc	ttctggtttt	aacactttga	22140
aacctatttt	taagttgcct	cttgggtatta	acattacaaa	ttttagagcc	attcttacag	22200
ccttttcacc	tgctcaagac	atttggggca	cgtcagctgc	agcctatttt	gttggctatt	22260
taaagccaac	tacatttatg	ctcaagtatg	atgaaaatgg	tacaatcaca	gatgctgttg	22320
attgtttctca	aaatccactt	gctgaactca	aatgctctgt	taagagcttt	gagattgaca	22380
aaggaattta	ccagacctct	aatttcaggg	ttgttccttc	aggagatggt	gtgagattcc	22440
ctaataattac	aaacttgtgt	ccttttggag	aggtttttaa	tgctactaaa	ttcccttctg	22500
tctatgcatg	ggagagaaaa	aaaatttcta	attgtgttgc	tgattactct	gtgctctaca	22560
actcaacatt	tttttcaacc	tttaagtgtc	atggcgtttc	tgccactaag	ttgaatgatc	22620
tttgcttctc	caatgtctat	gcagattctt	ttgtagtcaa	gggagatgat	gtaagacaaa	22680
tagcgccagg	acaaactggg	gttattgctg	attataatta	taaattgcca	gatgatttca	22740
tgggttgtgt	ccttgcttgg	aatactagga	acattgatgc	tacttcaact	ggtaattata	22800
attataaata	taggtatctt	agacatggca	agcttaggcc	ctttgagaga	gacatatcta	22860
atgtgccttt	ctccctgat	ggcaaaccct	gcaccccacc	tgctcttaat	tgttattggc	22920
cattaaatga	ttatggtttt	tacaccacta	ctggcattgg	ctaccaacct	tacagagttg	22980
tagtactttc	ttttgaactt	ttaaatgcac	cggccacggg	ttgtggacca	aaattatcca	23040
ctgaccttat	taagaaccag	tgtgtcaatt	ttaattttaa	tggactcact	gggtactggg	23100
tgttaaactc	ttcttcaaag	agattttcaac	catttcaaca	atttggccgt	gatgtttctg	23160
atttcactga	ttccgttcga	gatcctaata	catctgaaat	attagacatt	tcaccttgct	23220
cttttggggg	tgtaagtgtg	attacacctg	gaacaaatgc	ttcatctgaa	gttgctgttc	23280
tatatcaaga	tgttaaactg	actgatgttt	ctacagcaat	tcatgcagat	caactcacac	23340
cagcttggcg	catatattct	actggaacaa	atgtattcca	gactcaagca	ggctgtctta	23400
taggagctga	gcatgtcgac	acttcttatg	agtgcgacat	tcctattgga	gctggcattt	23460
gtgctagtta	ccatacagtt	tctttattac	gtagtactag	ccaaaaatct	attgtggctt	23520
atactatgtc	tttaggtgct	gatagttcaa	ttgcttactc	taataacacc	attgctatac	23580
ctactaactt	ttcaattagc	attactacag	aagtaatgcc	tgtttctatg	gctaaaacct	23640
ccgtagattg	taatatgtac	atctgcggag	attctactga	atgtgctaata	ttgcttctcc	23700
aatatggtag	cttttgcaca	caactaaatc	gtgcactctc	aggtattgct	gctgaacagg	23760
atcgcaacac	acgtgaagtg	ttcgctcaag	tcaaacaat	gtacaaaacc	ccaactttga	23820

S226CAS111.ST25

aatatTTTTg	tggtTTTaat	TTTTcAAAA	tattacCtga	ccCtCtaaag	ccaactaaga	23880
ggTcTTTTat	TgaggactTg	CtctTTaata	aggTgacact	cgctgatgct	ggctTcatga	23940
agcaatatgg	cgaatgccta	ggTgatatta	atgctagaga	tctcattTgt	gcgcagaagt	24000
tcaatggact	tacagtgtTg	ccacCtctgc	tCactgatga	tatgattgct	gcctacactg	24060
ctgctctagt	tagtggTact	gccactgctg	gatggacatt	tggtgctggc	gctgctcttc	24120
aaatacCttt	Tgctatgcaa	atggcatata	ggTtcaatgg	cattggagTt	acccaaaatg	24180
ttCtctatga	gaacCAaaaa	caaatcgcca	accaattTaa	caaggcgatt	agtcaaattc	24240
aagaatcact	tacaacaaca	tcaactgcat	tgggcaagct	gcaagacgTt	gttaaccaga	24300
atgctcaagc	attaaacaca	CttgtTaaac	aacttagctc	taattTtggt	gcaattTcaa	24360
gtgtgctaaa	TgatatCctt	tCgcgactTg	ataaagtcga	ggcgagggtA	caaattgaca	24420
ggTtaattac	aggcagactt	caaagccttc	aaacCtatgt	aacacaacaa	Ctaatcaggg	24480
ctgctgaaat	cagggcTtct	gctaatCctg	Ctgctactaa	aatgtctgag	TgtgttCctg	24540
gacaatcaaa	aagagTtgac	TTTTgtggaa	agggctacca	Ccttatgtcc	TtcccaCaag	24600
cagCCCCgca	TggtgtTgtc	TtCctacatg	tCacgtatgt	gccatcccag	gagaggaact	24660
tCaccacagc	gccagcaatt	Tgtcatgaag	Gcaaagcata	CttccCtCgt	gaaggTgttt	24720
TtgtgtTtaa	Tggcacttct	TggtTtatta	CaCagaggaa	CttCttttct	Ccacaataaa	24780
Ttactacaga	CaatacatTT	gtctcaggaa	attgtgatgt	Cgttattggc	atCattaaca	24840
acacagTtta	TgatCctctg	CaacCtgagc	Ttgactcatt	caaagaagag	Ctggacaagt	24900
actTcaaaaa	Tcatacatca	CcagatgtTg	atCttggcga	CattTcaggc	attaacgctt	24960
Ctgtcgtcaa	Cattcaaaaa	Gaaattgacc	GcCtcaatga	ggTcgtTaaa	aattTaaatg	25020
aatcactcat	TgacCttcaa	Gaattgggaa	Aaatatgagca	atatattaaa	TggcCttggT	25080
atgtTtggt	Cggcttcatt	Gctggactaa	TtgccatCgt	CatggTtaca	atCttgCttt	25140
gtTgcatgac	tagTtgtTgc	agTtgCctca	agggtgcatg	CtCttgtggT	Tcttgctgca	25200
agTttgatga	ggatgactCt	GagccagTtc	tcaagggtgt	caaattacat	Tacacataaa	25260
cgaacttatg	gattTgtTta	TgagattTtt	TactCttgga	tcaattactg	CaCagccagt	25320
aaaaattgac	aatgCttctc	Ctgcaagtac	Tgttcatgct	acagcaacga	Taccgctaca	25380
agCctcactc	Cctttcggat	GgCttgttat	Tggcgttgca	TttCttgctg	Tttttcagag	25440
Cgctaccaaa	ataattgcgc	tcaataaaaag	atggcagcta	gccCtttata	agggCttcca	25500
gttcattTgc	aattTactgc	TgctattTgt	Taccatctat	TcacatCttt	TgctTgtcgc	25560
TgcaggTatg	Gaggcgcaat	TTTTgtacCt	CtatgcCttg	atatattTtc	Tacaatgcat	25620
caacgcatgt	agaattatta	TgagatgtTg	GctTtgTtgG	aagtGcaaTt	CcaagaacCC	25680
attactTtat	gatgccaact	actTtgTttg	Ctggcacaca	Cataactatg	actactgtat	25740
accatataac	agTgtcacag	atacaattgt	Cgttactgaa	ggTgacggca	Tttcaacacc	25800
aaaactcaaa	Gaagactacc	aaattggTgg	Ttattctgag	gataggCact	CaggtgtTaa	25860

S226CAS111.ST25

agactatgtc gttgtacatg gctatttcac cgaagtttac taccagcttg agtctacaca 25920
 aattactaca gacactggta ttgaaaatgc tacattcttc atctttaaca agcttggttaa 25980
 agaccaccg aatgtgcaaa tacacacaat cgacggctct tcaggagttg ctaatccagc 26040
 aatggatcca atttatgatg agccgacgac gactactagc gtgcctttgt aagcacaaga 26100
 aagtgagtac gaacttatgt actcattcgt ttcggaagaa acaggtacgt taatagttaa 26160
 tagcgtactt ctttttcttg ctttcgtggt attcttgcta gtcacactag ccatccttac 26220
 tgcgcttcga ttgtgtgctg actgctgcaa tattgttaac gtgagtttag taaaaccaac 26280
 ggtttacgtc tactcgctg ttaaaaatct gaactcttct gaaggagttc ctgatcttct 26340
 ggtctaaacg aactaactat tattattatt ctgtttggaa ctttaacatt gcttatcatg 26400
 gcagacaacg gtactattac cgttgaggag cttaacaac tcctggaaca atggaaccta 26460
 gtaataggtt tcctattcct agcctggatt atgttactac aatttgcccta ttctaacgg 26520
 aacaggtttt tgtacataat aaagcttggt ttcctctggc tcttggtggc agtaacactt 26580
 gcttgttttg tgcttgctgc tgtctacaga attaattggg tgactggcgg gattgctgatt 26640
 gcaatggctt gtattgtagg ctgatgtgg cttagctact tcgttgcttc cttcaggctg 26700
 tttgctcgta cccgctcaat gtggtcattc aaccagaaa caaacattct tctcaatgtg 26760
 cctctccggg ggacaattgt gaccagaccg ctcatggaaa gtgaacttgt cattggtgct 26820
 gtgatcattc gtggtcactt gcgaatggcc ggacactccc tagggcgctg tgacattaag 26880
 gacctgcaa aagagatcac tgtggctaca tcacgaacgc tttcttatta caaattagga 26940
 gcgtcgcagc gtgtaggcac tgattcaggt tttgctgcat acaaccgcta ccgtattgga 27000
 aactataaat taaatacaga ccacgccggt agcaacgaca atattgcttt gctagtacag 27060
 taagtgacaa cagatgtttc atcttgttga cttccagggt acaatagcag agatattgat 27120
 tatcattatg aggactttca ggattgctat ttggaatctt gacgttataa taagttcaat 27180
 agtgagacaa ttatttaagc ctctaactaa gaagaattat tcggagttag atgatgaaga 27240
 acctatggag ttagattatc cataaaacga acatgaaaat tattctcttc ctgacattga 27300
 ttgtatttac atcttgcgag ctatatcact atcaggagtg tgttagaggt acgactgtac 27360
 tactaaaaga accttgccca tcaggaacat acgagggcaa ttcaccattt caccctcttg 27420
 ctgacaataa atttgcacta acttgacta gcacacactt tgcttttgct tgtgctgacg 27480
 gtactcgaca tacctatcag ctgcgtgcaa gatcagtttc accaaaactt ttcacagac 27540
 aagaggaggt tcaacaagag ctctactcgc cactttttct cattgttgct gctctagtat 27600
 ttttaatact ttgcttcacc attaagagaa agacagaatg aatgagctca ctttaattga 27660
 cttctatttg tgcttttttag cttttctgct attccttggt ttaataatgc ttattatatt 27720
 ttggttttca ctcgaaatcc aggatctaga agaaccttgt accaaagtct aaacgaacat 27780
 gaaacttctc attgttttga cttgtatttc tctatgcagt tgcataatgca ctgtagtaca 27840
 gcgctgtgca tctaataaac ctcatgtgct tgaagatcct tgtaaggtag aacactaggg 27900

S226CAS111.ST25

```

gtaataactta tagcactgct tggctttgtg ctctaggaaa ggttttacct tttcatagat 27960
ggcacactat ggttcaaaca tgcacaccta atgttactat caactgtcaa gatccagctg 28020
gtggtgcgct tatagctagg tgttggtacc ttcatgaagg tcaccaaact gctgcattta 28080
gagacgtact tgttgtttta aataaacgaa caaattaaaa tgtctgataa tggaccccaa 28140
tcaaaccaac gtagtgcccc ccgcattaca tttggtggac ccacagattc aactgacaat 28200
aaccagaatg gaggacgcaa tggggcaagg ccaaaacagc gccgaccca aggtttaccc 28260
aataatactg cgtcttggtt cacagctctc actcagcatg gcaaggagga acttagattc 28320
cctcgaggcc agggcgttcc aatcaacacc aatagtggtc cagatgacca aattggctac 28380
taccgaagag ctacccgacg agttcgtggt ggtgacggca aaatgaaaga gctcagcccc 28440
agatggtact tctattacct aggaactggc ccagaagctt cacttccta cggcgctaac 28500
aaagaaggca tcgtatgggt tgcaactgag ggagccttga atacacccaa agaccacatt 28560
ggcacccgca atcctaataa caatgctgcc accgtgctac aacttcctca aggaacaaca 28620
ttgccaaaag gcttctacgc agaggggaagc agaggcggca gtcaagcctc ttctcgctcc 28680
tcatcacgta gtcgcggtaa ttcaagaaat tcaactcctg gcagcagtag gggaaattct 28740
cctgctcgaa tggctagcgg aggtggtgaa actgccctcg cgctattgct gctagacaga 28800
ttgaaccagc ttgagagcaa agtttctggt aaaggccaac aacaacaagg ccaaactgtc 28860
actaagaaat ctgctgctga ggcattctaa aagcctcgcc aaaaacgtac tgccacaaaa 28920
cagtacaacg tcaactcaagc atttgggaga cgtggtccag aacaaacca aggaaatttc 28980
ggggaccaag acctaatacag acaaggaact gattacaaac attggccgca aattgcacaa 29040
tttgctccaa gtgcctctgc attctttgga atgtcacgca ttggcatgga agtcacacct 29100
tcgggaacat ggctgactta tcatggagcc attaaattgg atgacaaaga tccacaattc 29160
aaagacaacg tcatactgct gaacaagcac attgacgcat acaaaacatt cccaccaaca 29220
gagcctaaaa aggacaaaaa gaaaaagact gatgaagctc agcctttgcc gcagagacaa 29280
aagaagcagc ccactgtgac tcttcttcct gcggctgaca tggatgattt ctccagacaa 29340
cttcaaaatt ccatgagtgg agcttctgct gattcaactc aggcataaac actcatgatg 29400
accacacaag gcagatgggc tatgtaaacg ttttcgcaat tccgtttacg atacatagtc 29460
tactcttggt cagaatgaat tctcgtaact aaacagcaca agtaggttta gtttaacttta 29520
atctcacata gcaatcttta atcaatgtgt aacattaggg aggacttgaa agagccacca 29580
cattttcatc gaggccacgc ggagtacgat cgaggggtaca gtgaataatg ctagggagag 29640
ctgcctatat ggaagagccc taatgtgtaa aattaatttt agtagtgcta tccccatgtg 29700
attttaatag cttcttagga gaatgacaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 29746

```

<210> 2<211> 3945<212> DNA<213> CORONAVIRUS<220><221> CDS<222>
(89)..(3853)<223>

<400> 2

S226CAS111.ST25

ttctcttctg gaaaaaggta ggcttatcat tagagaaaac aacagagttg tggtttcaag	60
tgatattctt gttaacaact aaacgaac atg ttt att ttc tta tta ttt ctt	112
Met Phe Ile Phe Leu Leu Phe Leu	
1 5	
act ctc act agt ggt agt gac ctt gac cgg tgc acc act ttt gat gat	160
Thr Leu Thr Ser Gly Ser Asp Leu Asp Arg Cys Thr Thr Phe Asp Asp	
10 15 20	
gtt caa gct cct aat tac act caa cat act tca tct atg agg ggg gtt	208
Val Gln Ala Pro Asn Tyr Thr Gln His Thr Ser Ser Met Arg Gly Val	
25 30 35 40	
tac tat cct gat gaa att ttt aga tca gac act ctt tat tta act cag	256
Tyr Tyr Pro Asp Glu Ile Phe Arg Ser Asp Thr Leu Tyr Leu Thr Gln	
45 50 55	
gat tta ttt ctt cca ttt tat tct aat gtt aca ggg ttt cat act att	304
Asp Leu Phe Leu Pro Phe Tyr Ser Asn Val Thr Gly Phe His Thr Ile	
60 65 70	
aat cat acg ttt ggc aac cct gtc ata cct ttt aag gat ggt att tat	352
Asn His Thr Phe Gly Asn Pro Val Ile Pro Phe Lys Asp Gly Ile Tyr	
75 80 85	
ttt gct gcc aca gag aaa tca aat gtt gtc cgt ggt tgg gtt ttt ggt	400
Phe Ala Ala Thr Glu Lys Ser Asn Val Val Arg Gly Trp Val Phe Gly	
90 95 100	
tct acc atg aac aac aag tca cag tcg gtg att att att aac aat tct	448
Ser Thr Met Asn Asn Lys Ser Gln Ser Val Ile Ile Ile Asn Asn Ser	
105 110 115 120	
act aat gtt gtt ata cga gca tgt aac ttt gaa ttg tgt gac aac cct	496
Thr Asn Val Val Ile Arg Ala Cys Asn Phe Glu Leu Cys Asp Asn Pro	
125 130 135	
ttc ttt gct gtt tct aaa ccc atg ggt aca cag aca cat act atg ata	544
Phe Phe Ala Val Ser Lys Pro Met Gly Thr Gln Thr His Thr Met Ile	
140 145 150	
ttc gat aat gca ttt aat tgc act ttc gag tac ata tct gat gcc ttt	592
Phe Asp Asn Ala Phe Asn Cys Thr Phe Glu Tyr Ile Ser Asp Ala Phe	
155 160 165	
tcg ctt gat gtt tca gaa aag tca ggt aat ttt aaa cac tta cga gag	640
Ser Leu Asp Val Ser Glu Lys Ser Gly Asn Phe Lys His Leu Arg Glu	
170 175 180	
ttt gtg ttt aaa aat aaa gat ggg ttt ctc tat gtt tat aag ggc tat	688
Phe Val Phe Lys Asn Lys Asp Gly Phe Leu Tyr Val Tyr Lys Gly Tyr	
185 190 195 200	
caa cct ata gat gta gtt cgt gat cta cct tct ggt ttt aac act ttg	736
Gln Pro Ile Asp Val Val Arg Asp Leu Pro Ser Gly Phe Asn Thr Leu	
205 210 215	
aaa cct att ttt aag ttg cct ctt ggt att aac att aca aat ttt aga	784
Lys Pro Ile Phe Lys Leu Pro Leu Gly Ile Asn Ile Thr Asn Phe Arg	
220 225 230	
gcc att ctt aca gcc ttt tca cct gct caa gac att tgg ggc acg tca	832
Ala Ile Leu Thr Ala Phe Ser Pro Ala Gln Asp Ile Trp Gly Thr Ser	
235 240 245	
gct gca gcc tat ttt gtt ggc tat tta aag cca act aca ttt atg ctc	880
Ala Ala Ala Tyr Phe Val Gly Tyr Leu Lys Pro Thr Thr Phe Met Leu	

1er dépôt

S226CAS111.ST25																
250								255								
aag	tat	gat	gaa	aat	ggt	aca	atc	aca	gat	gct	ggt	gat	tgt	tct	caa	928
Lys	Tyr	Asp	Glu	Asn	Gly	Thr	Ile	Thr	Asp	Ala	Val	Asp	Cys	Ser	Gln	
265					270					275					280	
aat	cca	ctt	gct	gaa	ctc	aaa	tgc	tct	ggt	aag	agc	ttt	gag	att	gac	976
Asn	Pro	Leu	Ala	Glu	Leu	Lys	Cys	Ser	Val	Lys	Ser	Phe	Glu	Ile	Asp	
				285					290					295		
aaa	gga	att	tac	cag	acc	tct	aat	ttc	agg	ggt	ggt	ccc	tca	gga	gat	1024
Lys	Gly	Ile	Tyr	Gln	Thr	Ser	Asn	Phe	Arg	Val	Val	Pro	Ser	Gly	Asp	
			300					305					310			
ggt	gtg	aga	ttc	cct	aat	att	aca	aac	ttg	tgt	cct	ttt	gga	gag	ggt	1072
Val	Val	Arg	Phe	Pro	Asn	Ile	Thr	Asn	Leu	Cys	Pro	Phe	Gly	Glu	Val	
		315					320					325				
ttt	aat	gct	act	aaa	ttc	cct	tct	gtc	tat	gca	tgg	gag	aga	aaa	aaa	1120
Phe	Asn	Ala	Thr	Lys	Phe	Pro	Ser	Val	Tyr	Ala	Trp	Glu	Arg	Lys	Lys	
	330					335					340					
att	tct	aat	tgt	ggt	gct	gat	tac	tct	gtg	ctc	tac	aac	tca	aca	ttt	1168
Ile	Ser	Asn	Cys	Val	Ala	Asp	Tyr	Ser	Val	Leu	Tyr	Asn	Ser	Thr	Phe	
	345				350					355					360	
ttt	tca	acc	ttt	aag	tgc	tat	ggc	ggt	tct	gcc	act	aag	ttg	aat	gat	1216
Phe	Ser	Thr	Phe	Lys	Cys	Tyr	Gly	Val	Ser	Ala	Thr	Lys	Leu	Asn	Asp	
				365					370					375		
ctt	tgc	ttc	tcc	aat	gtc	tat	gca	gat	tct	ttt	gta	gtc	aag	gga	gat	1264
Leu	Cys	Phe	Ser	Asn	Val	Tyr	Ala	Asp	Ser	Phe	Val	Val	Lys	Gly	Asp	
			380					385					390			
gat	gta	aga	caa	ata	gcg	cca	gga	caa	act	ggt	ggt	att	gct	gat	tat	1312
Asp	Val	Arg	Gln	Ile	Ala	Pro	Gly	Gln	Thr	Gly	Val	Ile	Ala	Asp	Tyr	
		395					400					405				
aat	tat	aaa	ttg	cca	gat	gat	ttc	atg	ggt	tgt	gtc	ctt	gct	tgg	aat	1360
Asn	Tyr	Lys	Leu	Pro	Asp	Asp	Phe	Met	Gly	Cys	Val	Leu	Ala	Trp	Asn	
	410					415					420					
act	agg	aac	att	gat	gct	act	tca	act	ggt	aat	tat	aat	tat	aaa	tat	1408
Thr	Arg	Asn	Ile	Asp	Ala	Thr	Ser	Thr	Gly	Asn	Tyr	Asn	Tyr	Lys	Tyr	
	425				430					435					440	
agg	tat	ctt	aga	cat	ggc	aag	ctt	agg	ccc	ttt	gag	aga	gac	ata	tct	1456
Arg	Tyr	Leu	Arg	His	Gly	Lys	Leu	Arg	Pro	Phe	Glu	Arg	Asp	Ile	Ser	
				445					450					455		
aat	gtg	cct	ttc	tcc	cct	gat	ggc	aaa	cct	tgc	acc	cca	cct	gct	ctt	1504
Asn	Val	Pro	Phe	Ser	Pro	Asp	Gly	Lys	Pro	Cys	Thr	Pro	Pro	Ala	Leu	
			460					465					470			
aat	tgt	tat	tgg	cca	tta	aat	gat	tat	ggt	ttt	tac	acc	act	act	ggc	1552
Asn	Cys	Tyr	Trp	Pro	Leu	Asn	Asp	Tyr	Gly	Phe	Tyr		Thr	Thr	Gly	
		475					480				485					
att	ggc	tac	caa	cct	tac	aga	ggt	gta	gta	ctt	tct	ttt	gaa	ctt	tta	1600
Ile	Gly	Tyr	Gln	Pro	Tyr	Arg	Val	Val	Val	Leu	Ser	Phe	Glu	Leu	Leu	
	490					495					500					
aat	gca	ccg	gcc	acg	ggt	tgt	gga	cca	aaa	tta	tcc	act	gac	ctt	att	1648
Asn	Ala	Pro	Ala	Thr	Val	Cys	Gly	Pro	Lys	Leu	Ser	Thr	Asp	Leu	Ile	
	505				510					515					520	
aag	aac	cag	tgt	gtc	aat	ttt	aat	ttt	aat	gga	ctc	act	ggt	act	ggt	1696
Lys	Asn	Gln	Cys	Val	Asn	Phe	Asn	Phe	Asn	Gly	Leu	Thr	Gly	Thr	Gly	

S226CAS111.ST25																
525								530				535				
gtg tta act cct tct tca aag aga ttt caa cca ttt caa caa ttt ggc	Val Leu Thr Pro Ser Ser Lys Arg Phe Gln Pro Phe Gln Gln Phe Gly	540	545	550	1744											
cgt gat gtt tct gat ttc act gat tcc gtt cga gat cct aaa aca tct	Arg Asp Val Ser Asp Phe Thr Asp Ser Val Arg Asp Pro Lys Thr Ser	555	560	565	1792											
gaa ata tta gac att tca cct tgc tct ttt ggg ggt gta agt gta att	Glu Ile Leu Asp Ile Ser Pro Cys Ser Phe Gly Gly Val Ser Val Ile	570	575	580	1840											
aca cct gga aca aat gct tca tct gaa gtt gct gtt cta tat caa gat	Thr Pro Gly Thr Asn Ala Ser Ser Glu Val Ala Val Leu Tyr Gln Asp	585	590	595	1888											
gtt aac tgc act gat gtt tct aca gca att cat gca gat caa ctc aca	Val Asn Cys Thr Asp Val Ser Thr Ala Ile His Ala Asp Gln Leu Thr	605	610	615	1936											
cca gct tgg cgc ata tat tct act gga aac aat gta ttc cag act caa	Pro Ala Trp Arg Ile Tyr Ser Thr Gly Asn Asn Val Phe Gln Thr Gln	620	625	630	1984											
gca ggc tgt ctt ata gga gct gag cat gtc gac act tct tat gag tgc	Ala Gly Cys Leu Ile Gly Ala Glu His Val Asp Thr Ser Tyr Glu Cys	635	640	645	2032											
gac att cct att gga gct ggc att tgt gct agt tac cat aca gtt tct	Asp Ile Pro Ile Gly Ala Gly Ile Cys Ala Ser Tyr His Thr Val Ser	650	655	660	2080											
tta tta cgt agt act agc caa aaa tct att gtg gct tat act atg tct	Leu Leu Arg Ser Thr Ser Gln Lys Ser Ile Val Ala Tyr Thr Met Ser	665	670	675	2128											
tta ggt gct gat agt tca att gct tac tct aat aac acc att gct ata	Leu Gly Ala Asp Ser Ser Ile Ala Tyr Ser Asn Asn Thr Ile Ala Ile	685	690	695	2176											
cct act aac ttt tca att agc att act aca gaa gta atg cct gtt tct	Pro Thr Asn Phe Ser Ile Ser Ile Thr Thr Glu Val Met Pro Val Ser	700	705	710	2224											
atg gct aaa acc tcc gta gat tgt aat atg tac atc tgc gga gat tct	Met Ala Lys Thr Ser Val Asp Cys Asn Met Tyr Ile Cys Gly Asp Ser	715	720	725	2272											
act gaa tgt gct aat ttg ctt ctc caa tat ggt agc ttt tgc aca caa	Thr Glu Cys Ala Asn Leu Leu Leu Gln Tyr Gly Ser Phe Cys Thr Gln	730	735	740	2320											
cta aat cgt gca ctc tca ggt att gct gct gaa cag gat cgc aac aca	Leu Asn Arg Ala Leu Ser Gly Ile Ala Ala Glu Gln Asp Arg Asn Thr	745	750	755	2368											
cgt gaa gtg ttc gct caa gtc aaa caa atg tac aaa acc cca act ttg	Arg Glu Val Phe Ala Gln Val Lys Gln Met Tyr Lys Thr Pro Thr Leu	765	770	775	2416											
aaa tat ttt ggt ggt ttt aat ttt tca caa ata tta cct gac cct cta	Lys Tyr Phe Gly Gly Phe Asn Phe Ser Gln Ile Leu Pro Asp Pro Leu	780	785	790	2464											
aag cca act aag agg tct ttt att gag gac ttg ctc ttt aat aag gtg	Lys Pro Thr Lys Arg Ser Phe Ile Glu Asp Leu Leu Phe Asn Lys Val				2512											

S226CAS111.ST25

795	800	805	
aca ctc gct gat gct ggc ttc atg aag caa tat ggc gaa tgc cta ggt Thr Leu Ala Asp Ala Gly Phe Met Lys Gln Tyr Gly Glu Cys Leu Gly 810 815 820			2560
gat att aat gct aga gat ctc att tgt gcg cag aag ttc aat gga ctt Asp Ile Asn Ala Arg Asp Leu Ile Cys Ala Gln Lys Phe Asn Gly Leu 825 830 835			2608
aca gtg ttg cca cct ctg ctc act gat gat atg att gct gcc tac act Thr Val Leu Pro Pro Leu Leu Thr Asp Asp Met Ile Ala Ala Tyr Thr 845 850 855			2656
gct gct cta gtt agt ggt act gcc act gct gga tgg aca ttt ggt gct Ala Ala Leu Val Ser Gly Thr Ala Thr 865 Ala Gly Trp Thr Phe Gly Ala 860			2704
ggc gct gct ctt caa ata cct ttt gct atg caa atg gca tat agg ttc Gly Ala Ala Leu Gln Ile Pro Phe Ala Met Gln Met Ala Tyr Arg Phe 875 880 885			2752
aat ggc att gga gtt acc caa aat gtt ctc tat gag aac caa aaa caa Asn Gly Ile Gly Val Thr Gln Asn Val Leu Tyr Glu Asn Gln Lys Gln 890 895 900			2800
atc gcc aac caa ttt aac aag gcg att agt caa att caa gaa tca ctt Ile Ala Asn Gln Phe Asn Lys Ala Ile Ser Gln Ile Gln Glu Ser Leu 905 910 915 920			2848
aca aca aca tca act gca ttg ggc aag ctg caa gac gtt gtt aac cag Thr Thr Thr Ser Thr Ala Leu Gly Lys Leu Gln Asp Val Val Asn Gln 925 930 935			2896
aat gct caa gca tta aac aca ctt gtt aaa caa ctt agc tct aat ttt Asn Ala Gln Ala Leu Asn Thr Leu Val Lys Gln Leu Ser Ser Asn Phe 940 945 950			2944
ggt gca att tca agt gtg cta aat gat atc ctt tcg cga ctt gat aaa Gly Ala Ile Ser Ser Val Leu Asn Asp Ile Leu Ser Arg Leu Asp Lys 955 960 965			2992
gtc gag gcg gag gta caa att gac agg tta att aca ggc aga ctt caa Val Glu Ala Glu Val Gln Ile Asp Arg Leu Ile Thr Gly Arg Leu Gln 970 975 980			3040
agc ctt caa acc tat gta aca caa caa cta atc agg gct gct gaa atc Ser Leu Gln Thr Tyr Val Thr Gln Gln Leu Ile Arg Ala Ala Glu Ile 985 990 995 1000			3088
agg gct tct gct aat ctt gct gct act aaa atg tct gag tgt gtt Arg Ala Ser Ala Asn Leu Ala Ala Thr Lys Met Ser Glu Cys Val 1005 1010 1015			3133
ctt gga caa tca aaa aga gtt gac ttt tgt gga aag ggc tac cac Leu Gly Gln Ser Lys Arg Val Asp Phe Cys Gly Lys Gly Tyr His 1020 1025 1030			3178
ctt atg tcc ttc cca caa gca gcc ccg cat ggt gtt gtc ttc cta Leu Met Ser Phe Pro Gln Ala Ala Pro His Gly Val Val Phe Leu 1035 1040 1045			3223
cat gtc acg tat gtg cca tcc cag gag agg aac ttc acc aca gcg His Val Thr Tyr Val Pro Ser Gln Glu Arg Asn Phe Thr Thr Ala 1050 1055 1060			3268
cca gca att tgt cat gaa ggc aaa gca tac ttc cct cgt gaa ggt Pro Ala Ile Cys His Glu Gly Lys Ala Tyr Phe Pro Arg Glu Gly			3313

S226CAS111.ST25

1065	1070	1075	
gtt ttt gtg ttt aat ggc act tct tgg ttt att aca cag agg aac Val Phe Val Phe Asn Gly Thr Ser Trp Phe Ile Thr Gln Arg Asn 1080 1085 1090			3358
ttc ttt tct cca caa ata att act aca gac aat aca ttt gtc tca Phe Phe Ser Pro Gln Ile Ile Thr Thr Asp Asn Thr Phe Val Ser 1095 1100 1105			3403
gga aat tgt gat gtc gtt att ggc atc att aac aac aca gtt tat Gly Asn Cys Asp Val Val Ile Gly Ile Ile Asn Asn Thr Val Tyr 1110 1115 1120			3448
gat cct ctg caa cct gag ctt gac tca ttc aaa gaa gag ctg gac Asp Pro Leu Gln Pro Glu Leu Asp Ser Phe Lys Glu Glu Leu Asp 1125 1130 1135			3493
aag tac ttc aaa aat cat aca tca cca gat gtt gat ctt ggc gac Lys Tyr Phe Lys Asn His Thr Ser Pro Asp Val Asp Leu Gly Asp 1140 1145 1150			3538
att tca ggc att aac gct tct gtc gtc aac att caa aaa gaa att Ile Ser Gly Ile Asn Ala Ser Val Val Asn Ile Gln Lys Glu Ile 1155 1160 1165			3583
gac cgc ctc aat gag gtc gct aaa aat tta aat gaa tca ctc att Asp Arg Leu Asn Glu Val Ala Lys Asn Leu Asn Glu Ser Leu Ile 1170 1175 1180			3628
gac ctt caa gaa ttg gga aaa tat gag caa tat att aaa tgg cct Asp Leu Gln Glu Leu Gly Lys Tyr Glu Gln Tyr Ile Lys Trp Pro 1185 1190 1195			3673
tgg tat gtt tgg ctc ggc ttc att gct gga cta att gcc atc gtc Trp Tyr Val Trp Leu Gly Phe Ile Ala Gly Leu Ile Ala Ile Val 1200 1205 1210			3718
atg gtt aca atc ttg ctt tgt tgc atg act agt tgt tgc agt tgc Met Val Thr Ile Leu Leu Cys Cys Met Thr Ser Cys Cys Ser Cys 1215 1220 1225			3763
ctc aag ggt gca tgc tct tgt ggt tct tgc tgc aag ttt gat gag Leu Lys Gly Ala Cys Ser Cys Gly Ser Cys Cys Lys Phe Asp Glu 1230 1235 1240			3808
gat gac tct gag cca gtt ctc aag ggt gtc aaa tta cat tac aca Asp Asp Ser Glu Pro Val Leu Lys Gly Val Lys Leu His Tyr Thr 1245 1250 1255			3853
taaacgaact tatggatttg tttatgagat tttttactct tggatcaatt actgcacagc			3913
cagtaaaaaat tgacaatgct tctcctgcaa gt			3945

<210> 3<211> 1255<212> PRT<213> CORONAVIRUS<400> 3

Met Phe Ile Phe Leu Leu Phe Leu Thr Leu Thr Ser Gly Ser Asp Leu
1 5 10 15

Asp Arg Cys Thr Thr Phe Asp Asp Val Gln Ala Pro Asn Tyr Thr Gln
20 25 30

His Thr Ser Ser Met Arg Gly Val Tyr Tyr Pro Asp Glu Ile Phe Arg
35 40 45

S226CAS111.ST25

Ser Asp Thr Leu Tyr Leu Thr Gln Asp Leu Phe Leu Pro Phe Tyr Ser
50 55 60

Asn Val Thr Gly Phe His Thr Ile Asn His Thr Phe Gly Asn Pro Val
65 70 75 80

Ile Pro Phe Lys Asp Gly Ile Tyr Phe Ala Ala Thr Glu Lys Ser Asn
85 90 95

Val Val Arg Gly Trp Val Phe Gly Ser Thr Met Asn Asn Lys Ser Gln
100 105 110

Ser Val Ile Ile Ile Asn Asn Ser Thr Asn Val Val Ile Arg Ala Cys
115 120 125

Asn Phe Glu Leu Cys Asp Asn Pro Phe Phe Ala Val Ser Lys Pro Met
130 135 140

Gly Thr Gln Thr His Thr Met Ile Phe Asp Asn Ala Phe Asn Cys Thr
145 150 155 160

Phe Glu Tyr Ile Ser Asp Ala Phe Ser Leu Asp Val Ser Glu Lys Ser
165 170 175

Gly Asn Phe Lys His Leu Arg Glu Phe Val Phe Lys Asn Lys Asp Gly
180 185 190

Phe Leu Tyr Val Tyr Lys Gly Tyr Gln Pro Ile Asp Val Val Arg Asp
195 200 205

Leu Pro Ser Gly Phe Asn Thr Leu Lys Pro Ile Phe Lys Leu Pro Leu
210 215 220

Gly Ile Asn Ile Thr Asn Phe Arg Ala Ile Leu Thr Ala Phe Ser Pro
225 230 235 240

Ala Gln Asp Ile Trp Gly Thr Ser Ala Ala Ala Tyr Phe Val Gly Tyr
245 250 255

Leu Lys Pro Thr Thr Phe Met Leu Lys Tyr Asp Glu Asn Gly Thr Ile
260 265 270

Thr Asp Ala Val Asp Cys Ser Gln Asn Pro Leu Ala Glu Leu Lys Cys
275 280 285

Ser Val Lys Ser Phe Glu Ile Asp Lys Gly Ile Tyr Gln Thr Ser Asn
290 295 300

Phe Arg Val Val Pro Ser Gly Asp Val Val Arg Phe Pro Asn Ile Thr
305 310 315 320

S226CAS111.ST25

Asn Leu Cys Pro Phe Gly Glu Val Phe Asn Ala Thr Lys Phe Pro Ser
 325 330 335
 Val Tyr Ala Trp Glu Arg Lys Lys Ile Ser Asn Cys Val Ala Asp Tyr
 340 345 350
 Ser Val Leu Tyr Asn Ser Thr Phe Phe Ser Thr Phe Lys Cys Tyr Gly
 355 360 365
 Val Ser Ala Thr Lys Leu Asn Asp Leu Cys Phe Ser Asn Val Tyr Ala
 370 375 380
 Asp Ser Phe Val Val Lys Gly Asp Asp Val Arg Gln Ile Ala Pro Gly
 385 390 395 400
 Gln Thr Gly Val Ile Ala Asp Tyr Asn Tyr Lys Leu Pro Asp Asp Phe
 405 410 415
 Met Gly Cys Val Leu Ala Trp Asn Thr Arg Asn Ile Asp Ala Thr Ser
 420 425 430
 Thr Gly Asn Tyr Asn Tyr Lys Tyr Arg Tyr Leu Arg His Gly Lys Leu
 435 440 445
 Arg Pro Phe Glu Arg Asp Ile Ser Asn Val Pro Phe Ser Pro Asp Gly
 450 455 460
 Lys Pro Cys Thr Pro Pro Ala Leu Asn Cys Tyr Trp Pro Leu Asn Asp
 465 470 475 480
 Tyr Gly Phe Tyr Thr Thr Gly Ile Gly Tyr Gln Pro Tyr Arg Val
 485 490 495
 Val Val Leu Ser Phe Glu Leu Leu Asn Ala Pro Ala Thr Val Cys Gly
 500 505 510
 Pro Lys Leu Ser Thr Asp Leu Ile Lys Asn Gln Cys Val Asn Phe Asn
 515 520 525
 Phe Asn Gly Leu Thr Gly Thr Gly Val Leu Thr Pro Ser Ser Lys Arg
 530 535 540
 Phe Gln Pro Phe Gln Gln Phe Gly Arg Asp Val Ser Asp Phe Thr Asp
 545 550 555 560
 Ser Val Arg Asp Pro Lys Thr Ser Glu Ile Leu Asp Ile Ser Pro Cys
 565 570 575
 Ser Phe Gly Gly Val Ser Val Ile Thr Pro Gly Thr Asn Ala Ser Ser
 580 585 590

S226CAS111.ST25

Glu Val Ala Val Leu Tyr Gln Asp Val Asn Cys Thr Asp Val Ser Thr
 595 600 605
 Ala Ile His Ala Asp Gln Leu Thr Pro Ala Trp Arg Ile Tyr Ser Thr
 610 615 620
 Gly Asn Asn Val Phe Gln Thr Gln Ala Gly Cys Leu Ile Gly Ala Glu
 625 630 635 640
 His Val Asp Thr Ser Tyr Glu Cys Asp Ile Pro Ile Gly Ala Gly Ile
 645 650 655
 Cys Ala Ser Tyr His Thr Val Ser Leu Leu Arg Ser Thr Ser Gln Lys
 660 665 670
 Ser Ile Val Ala Tyr Thr Met Ser Leu Gly Ala Asp Ser Ser Ile Ala
 675 680 685
 Tyr Ser Asn Asn Thr Ile Ala Ile Pro Thr Asn Phe Ser Ile Ser Ile
 690 695 700
 Thr Thr Glu Val Met Pro Val Ser Met Ala Lys Thr Ser Val Asp Cys
 705 710 715 720
 Asn Met Tyr Ile Cys Gly Asp Ser Thr Glu Cys Ala Asn Leu Leu Leu
 725 730 735
 Gln Tyr Gly Ser Phe Cys Thr Gln Leu Asn Arg Ala Leu Ser Gly Ile
 740 745 750
 Ala Ala Glu Gln Asp Arg Asn Thr Arg Glu Val Phe Ala Gln Val Lys
 755 760 765
 Gln Met Tyr Lys Thr Pro Thr Leu Lys Tyr Phe Gly Gly Phe Asn Phe
 770 775 780
 Ser Gln Ile Leu Pro Asp Pro Leu Lys Pro Thr Lys Arg Ser Phe Ile
 785 790 795 800
 Glu Asp Leu Leu Phe Asn Lys Val Thr Leu Ala Asp Ala Gly Phe Met
 805 810 815
 Lys Gln Tyr Gly Glu Cys Leu Gly Asp Ile Asn Ala Arg Asp Leu Ile
 820 825 830
 Cys Ala Gln Lys Phe Asn Gly Leu Thr Val Leu Pro Pro Leu Leu Thr
 835 840 845
 Asp Asp Met Ile Ala Ala Tyr Thr Ala Ala Leu Val Ser Gly Thr Ala
 850 855 860

S226CAS111.ST25

Thr Ala Gly Trp Thr Phe Gly Ala Gly Ala Ala Leu Gln Ile Pro Phe
 865 870 875 880
 Ala Met Gln Met Ala Tyr Arg Phe Asn Gly Ile Gly Val Thr Gln Asn
 885 890 895
 Val Leu Tyr Glu Asn Gln Lys Gln Ile Ala Asn Gln Phe Asn Lys Ala
 900 905 910
 Ile Ser Gln Ile Gln Glu Ser Leu Thr Thr Thr Ser Thr Ala Leu Gly
 915 920 925
 Lys Leu Gln Asp Val Val Asn Gln Asn Ala Gln Ala Leu Asn Thr Leu
 930 935 940
 Val Lys Gln Leu Ser Ser Asn Phe Gly Ala Ile Ser Ser Val Leu Asn
 945 950 955 960
 Asp Ile Leu Ser Arg Leu Asp Lys Val Glu Ala Glu Val Gln Ile Asp
 965 970 975
 Arg Leu Ile Thr Gly Arg Leu Gln Ser Leu Gln Thr Tyr Val Thr Gln
 980 985 990
 Gln Leu Ile Arg Ala Ala Glu Ile Arg Ala Ser Ala Asn Leu Ala Ala
 995 1000 1005
 Thr Lys Met Ser Glu Cys Val Leu Gly Gln Ser Lys Arg Val Asp
 1010 1015 1020
 Phe Cys Gly Lys Gly Tyr His Leu Met Ser Phe Pro Gln Ala Ala
 1025 1030 1035
 Pro His Gly Val Val Phe Leu His Val Thr Tyr Val Pro Ser Gln
 1040 1045 1050
 Glu Arg Asn Phe Thr Thr Ala Pro Ala Ile Cys His Glu Gly Lys
 1055 1060 1065
 Ala Tyr Phe Pro Arg Glu Gly Val Phe Val Phe Asn Gly Thr Ser
 1070 1075 1080
 Trp Phe Ile Thr Gln Arg Asn Phe Phe Ser Pro Gln Ile Ile Thr
 1085 1090 1095
 Thr Asp Asn Thr Phe Val Ser Gly Asn Cys Asp Val Val Ile Gly
 1100 1105 1110
 Ile Ile Asn Asn Thr Val Tyr Asp Pro Leu Gln Pro Glu Leu Asp
 1115 1120 1125

S226CAS111.ST25

Ser Phe Lys Glu Glu Leu Asp Lys Tyr Phe Lys Asn His Thr Ser
1130 1135 1140

Pro Asp Val Asp Leu Gly Asp Ile Ser Gly Ile Asn Ala Ser Val
1145 1150 1155

Val Asn Ile Gln Lys Glu Ile Asp Arg Leu Asn Glu Val Ala Lys
1160 1165 1170

Asn Leu Asn Glu Ser Leu Ile Asp Leu Gln Glu Leu Gly Lys Tyr
1175 1180 1185

Glu Gln Tyr Ile Lys Trp Pro Trp Tyr Val Trp Leu Gly Phe Ile
1190 1195 1200

Ala Gly Leu Ile Ala Ile Val Met Val Thr Ile Leu Leu Cys Cys
1205 1210 1215

Met Thr Ser Cys Cys Ser Cys Leu Lys Gly Ala Cys Ser Cys Gly
1220 1225 1230

Ser Cys Cys Lys Phe Asp Glu Asp Asp Ser Glu Pro Val Leu Lys
1235 1240 1245

Gly Val Lys Leu His Tyr Thr
1250 1255

<210> 4<211> 3943<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 4
ctcttctgga aaaaggtagg cttatcatta gagaaaacaa cagagttgtg gtttcaagtg 60
atattcttgt taacaactaa acgaacatgt ttattttctt attatttctt actctcacta 120
gtggtagtga ccttgaccgg tgcaccactt ttgatgatgt tcaagctcct aattacactc 180
aacatacttc atctatgagg ggggtttact atcctgatga aattttttaga tcagacactc 240
tttatttaac tcaggattta tttcttccat tttattctaa tgttacaggg tttcatacta 300
ttaatcatac gtttggcaac cctgtcatac cttttaagga tggatattat tttgctgcca 360
cagagaaaac aaatgttgtc cgtggttggg tttttggttc taccatgaac aacaagtcac 420
agtcggtgat tattattaac aattctacta atgttggtat acgagcatgt aactttgaat 480
tgtgtgacaa ccctttcttt gctgtttcta aacccatggg tacacagaca catactatga 540
tattcgataa tgcatttaac tgcactttcg agtacatata tgatgccttt tcgcttgatg 600
tttcagaaaa gtcaggtaat tttaaactac tacgagagtt tgtgtttaaa aataaagatg 660
ggtttctcta tgtttataag ggctatcaac ctatagatgt agttcgtgat ctaccttctg 720
gttttaacac ttgaaacct atttttaagt tgcctcttgg tattaacatt acaaatttta 780
gagccattct tacagccttt tcacctgctc aagacatttg gggcacgtca gctgcagcct 840
attttgttgg ctatttaaag ccaactacat ttatgctcaa gtatgatgaa aatggtacaa 900

S226CAS111.ST25

tcacagatgc tgttgattgt tctcaaaatc cacttgctga actcaaatgc tctgttaaga	960
gctttgagat tgacaaagga atttaccaga cctctaattt cagggttggt ccctcaggag	1020
atgttgtagag attccctaatt attacaaact tgtgtccttt tggagagggt tttaatgcta	1080
ctaaattccc ttctgtctat gcatgggaga gaaaaaaaat ttctaattgt gttgctgatt	1140
actctgtgct ctacaactca acatTTTTTT caacctTTTaa gtgctatggc gtttctgcca	1200
ctaagttgaa tgatctttgc ttctccaatg tctatgcaga ttcttttgta gtcaaggagg	1260
atgatgtaag acaaatacgcg ccaggacaaa ctgggtgttat tgctgattat aattataaat	1320
tgccagatga tttcatgggt tgtgtccttg cttggaatac taggaacatt gatgctactt	1380
caactggtaa ttataattat aaatatagggt atcttagaca tggcaagctt aggccctttg	1440
agagagacat atctaattgtg ctttctccc ctgatggcaa accttgcacc ccacctgctc	1500
ttaatgttta ttggccatta aatgattatg gtttttacac cactactggc attggctacc	1560
aaccttacag agttgtagta ctttcttttg aactttttaa tgcaccggcc acggtttgtg	1620
gacaaaatt atccactgac cttattaaga accagtgtgt caattttaat tttaatggac	1680
tcactggtag tgggtgtgta actccttctt caaagagatt tcaaccattt caacaatttg	1740
gccgtgatgt ctctgatttc actgattccg ttcgagatcc taaaacatct gaaatattag	1800
acatttcacc ttgctctttt gggggtgtaa gtgtaattac acctggaaca aatgcttcat	1860
ctgaagttgc tgttctatat caagatgtta actgcactga tgtttctaca gcaatccatg	1920
cagatcaact cacaccagct tggcgcatat attctactgg aaacaatgta ttccagactc	1980
aagcaggctg tcttatagga gctgagcatg tgcacacttc ttatgagtgc gacattccta	2040
ttggagctgg catttgctgt agttaccata cagtttcttt attacgtagt actagccaaa	2100
aatctattgt ggcttatact atgtcttttag gtgctgatag ttcaattgct tactctaata	2160
acaccattgc tatacctact aacttttcaa ttagcattac tacagaagta atgcctgttt	2220
ctatggctaa aacctccgta gattgtaata tgtacatctg cggagattct actgaatgtg	2280
ctaatttgct tctccaatat ggtagctttt gcacacaact aaatcgtgca ctctcaggta	2340
ttgctgctga acaggatcgc aacacacgtg aagtgttcgc tcaagtcaaa caaatgtaca	2400
aaacccaac ttgaaatat ttgggtggtt ttaatttttc acaaataatta cctgaccctc	2460
taaagccaac taagagggtc ttattgagg acttgctctt taataagggtg aactcgctg	2520
atgctggctt catgaagcaa tatggcgaat gcctagggtga tattaatgct agagatctca	2580
tttgctgcga gaagttcaat gggcttacag tgttgccacc tctgctcact gatgatatga	2640
ttgctgccta cactgctgct ctagttagtgt gtactgccac tgctggatgg acatttggtg	2700
ctggcgctgc tcttcaaata ctttttgcta tgcaaatggc atatagggtc aatggcattg	2760
gagttacca aaatgtttctc tatgagaacc aaaaacaaat cgccaaccaa tttacaagg	2820
cgattagtca aattcaagaa tcacttaca caacatcaac tgcattgggc aagctgcaag	2880
acgttggtta ccagaatgct caagcattaa acacacttgt taaacaactt agctctaatt	2940

S226CAS111.ST25

ttggtgcaat	ttcaagtgtg	ctaaatgata	tccttttcgcg	acttgataaa	gtcgaggcgg	3000
aggtacaaat	tgacaggcta	attacaggca	gacttcaaag	ccttcaaacc	tatgtaacac	3060
aacaactaat	cagggctgct	gaaatcaggg	cttctgctaa	tcttgctgct	actaaaatgt	3120
ctgagtgtgt	tcttggacaa	tcaaaaagag	ttgacttttg	tggaaggggc	taccacctta	3180
tgtccttccc	acaagcagcc	ccgcatgggtg	ttgtcttcct	acatgtcacg	tatgtgccat	3240
cccaggagag	gaacttcacc	acagcgccag	caatttgtca	tgaaggcaaa	gcatacttcc	3300
ctcgtgaagg	tgtttttgtg	tttaatggca	cttcttggtt	tattacacag	aggaacttct	3360
tttctccaca	aataattact	acagacaata	catttgtctc	aggaaattgt	gatgtcgtta	3420
ttggcatcat	taacaacaca	gtttatgata	ctctgcaacc	tgagcttgac	tcattcaaag	3480
aagagctgga	caagtacttc	aaaaatcata	catcaccaga	tgttgatctt	ggcgacattt	3540
caggcattaa	cgcttctgtc	gtcaacattc	aaaaagaaat	tgaccgcctc	aatgaggctc	3600
ctaaaaattt	aatgaatca	ctcattgacc	ttcaagaatt	gggaaaatat	gagcaatata	3660
ttaaatggcc	ttggatatgtt	tggtcgggt	tcatttgctgg	actaattgcc	atcgatcatg	3720
ttacaatctt	gctttgttgc	atgactagtt	gttgacagttg	cctcaagggt	gcatgctctt	3780
gtggttcttg	ctgcaagttt	gatgaggatg	actctgagcc	agttctcaag	ggtgtcaaat	3840
tacattacac	ataaacgaac	ttatggattt	gtttatgaga	ttttttactc	ttggatcaat	3900
tactgcacag	ccagtaaaaa	ttgacaatgc	ttctcctgca	agt		3943

<210>	5<211>	2049<212>	DNA<213>	CORONAVIRUS<400>	5	
ctcttctgga	aaaaggtagg	cttatcatta	gagaaaacaa	cagagttgtg	gtttcaagtg	60
atattcttgt	taacaactaa	acgaacatgt	ttattttctt	attatttctt	actctcacta	120
gtggtagtga	ccttgaccgg	tgaccactt	ttgatgatgt	tcaagctcct	aattacactc	180
aacatacttc	atctatgagg	ggggtttact	atcctgatga	aattttttaga	tcagacactc	240
tttatttaac	tcaggattta	tttcttccat	tttattctaa	tgttacaggg	tttcatacta	300
ttaatcatac	gtttggcaac	cctgtcatac	cttttaagga	tggtatttat	tttgctgcca	360
cagagaaatc	aatgtttgtc	cgtggttggtg	tttttggttc	taccatgaac	aacaagtcac	420
agtcggtgat	tattattaac	aattctacta	atgttggttat	acgagcatgt	aactttgaat	480
tgtgtgacaa	ccctttcttt	gctgtttcta	aacccatggg	tacacagaca	catactatga	540
tattcgataa	tgcatttaat	tgacttttcg	agtacatatc	tgatgccttt	tcgcttgatg	600
tttcagaaaa	gtcaggtaat	tttaaacact	tacgagagtt	tgtgtttaaa	aataaagatg	660
ggtttctcta	tgtttataag	ggctatcaac	ctatagatgt	agttcgtgat	ctaccttctg	720
gttttaacac	tttgaaacct	atttttaagt	tgcttcttgg	tattaacatt	acaaatttta	780
gagccattct	tacagccttt	tcacctgctc	aagacatttg	gggcacgtca	gctgcagcct	840
attttggttg	ctatttaaa	ccaactacat	ttatgtctaa	gtatgatgaa	aatggtacaa	900
tcacagatgc	tgttgattgt	tctcaaaatc	cacttgctga	actcaaatgc	tctgttaaga	960

S226CAS111.ST25

gctttgagat tgacaaagga atttaccaga cctctaattt cagggttggt ccctcaggag	1020
atgttgtagag attccctaatt attacaaact tgtgtccttt tggagagggt tttaattgcta	1080
ctaaattccc ttctgtctat gcatgggaga gaaaaaaaaat ttctaattgt gttgctgatt	1140
actctgtgct ctacaactca acatTTTTTT caacctttaa gtgctatggc gtttctgcca	1200
ctaagttgaa tgatctttgc ttctccaatg tctatgcaga ttcttttgta gtcaaggagg	1260
atgatgtaag acaaatacg ccaggacaaa ctgggtgttat tgctgattat aattataaat	1320
tgccagatga ttcatgggt tgtgtccttg cttggaatac taggaacatt gatgctactt	1380
caactggtaa ttataattat aaatatagggt atcttagaca tggcaagctt aggccctttg	1440
agagagacat atctaattgt cttttctccc ctgatggcaa accttgcacc ccacctgctc	1500
ttaattgtta ttggccatta aatgattatg gtttttacac cactactggc attggctacc	1560
aaccttacag agttgtagta ctttcttttg aacttttaaa tgcaccggcc acggtttgtg	1620
gaccaaatt atccactgac cttattaaga accagtgtgt caattttaat tttaatggac	1680
tcactggtag tgggtgtgta actccttctt caaagagatt tcaaccattt caacaatttg	1740
gccgtgatgt ctctgatttc actgattccg ttcgagatcc taaaacatct gaaatattag	1800
acatttcacc ttgctctttt gggggtgtaa gtgtaattac acctggaaca aatgcttcat	1860
ctgaagttgc tgttctatat caagatgtta actgcactga tgtttctaca gcaatccatg	1920
cagatcaact cacaccagct tggcgcatat attctactgg aaacaatgta ttccagactc	1980
aagcaggctg tcttatagga gctgagcatg tcgacacttc ttatgagtgc gacattccta	2040
ttggagctg	2049
<210> 6<211> 2027<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 6	
catgcagatc aactcacacc agcttggcgc atatattcta ctggaaacaa tgtattccag	60
actcaagcag gctgtcttat aggagctgag catgtcgaca cttcttatga gtgcgacatt	120
cctattggag ctggcatttg tgctagttac catacagttt ctttattacg tagtactagc	180
caaaaatcta ttgtggctta tactatgtct ttaggtgctg atagttcaat tgcttactct	240
aataacacca ttgctatacc tactaacttt tcaattagca ttactacaga agtaatgcct	300
gtttctatgg ctaaaacctc cgtagattgt aatatgtaca tctgcggaga ttctactgaa	360
tgtgctaatt tgcttctcca atatggtagc ttttgcacac aactaaatcg tgcactctca	420
ggtattgctg ctgaacagga tcgcaacaca cgtgaagtgt tcgctcaagt caaacaatg	480
tacaaaaccc caactttgaa atattttgggt ggttttaatt ttccacaaat attacctgac	540
cctctaaagc caactaagag gtcttttatt gaggacttgc tctttaataa ggtgacactc	600
gctgatgctg gttcatgaa gcaatatggc gaatgcctag gtgatattaa tgctagagat	660
ctcatttgctg cgcagaagtt caatgggctt acagtgttgc cacctctgct cactgatgat	720
atgattgctg cctacactgc tgctctagtt agtggtagct ccactgctgg atggacattt	780
ggtgctggcg ctgctcttca aatacctttt gctatgcaaa tggcatatag gttcaatggc	840

S226CAS111.ST25

```

attggagtta cccaaaatgt tctctatgag aaccaaaaac aaatcgccaa ccaatttaac 900
aaggcgatta gtcaaattca agaatcactt acaacaacat caactgcatt gggcaagctg 960
caagacgttg ttaaccagaa tgctcaagca ttaaacaacac ttgttaaaca acttagctct 1020
aatTTTggtg caatttcaag tgtgctaaat gatatacctt cgcgacttga taaagtcgag 1080
gcggaggtac aaattgacag gttaattaca ggcagacttc aaagccttca aacctatgta 1140
acacaacaac taatcagggc tgctgaaatc agggcttctg ctaatcttgc tgctactaaa 1200
atgtctgagt gtgttcttgg acaatcaaaa agagttgact tttgtggaaa gggctaccac 1260
cttatgtcct tcccacaagc agccccgcat ggtgttgtct tcctacatgt cacgtatgtg 1320
ccatcccagg agaggaactt caccacagcg ccagcaattt gtcataaggg caaagcatac 1380
ttccctcgtg aagggtgtttt tgtgtttaat ggcacttctt ggtttattac acagaggaac 1440
ttcttttctc cacaaataat tactacagac aatacatttg tctcaggaaa ttgtgatgtc 1500
gttattggcg tcattaacaa cacagtttat gatcctctgc aacctgagct tgactcattc 1560
aaagaagagc tggacaagta cttcaaaaat catacatcac cagatgttga tcttggcgac 1620
atTtcaggca ttaacgcttc tgctgtaaac attcaaaaag aaattgaccg cctcaatgag 1680
gtcgctaaaa atttaaatga atcactcatt gaccttcaag aattgggaaa atatgagcaa 1740
tatattaaat ggccttggtg tgtttggctc ggcttcattg ctggactaat tgccatcgtc 1800
atggttacia tcttgctttg ttgcatgact agttgttgca gttgcctcaa ggggtgcatgc 1860
tcttTtggtt cttgctgcaa gtttgatgag gatgactctg agccagttct caaggggtgtc 1920
aaattacatt acacataaac gaacttatgg atttgtttat gagatTTTTT actcttggat 1980
caattactgc acagccagta aaaattgaca atgcttctcc tgcaagt 2027

```

<210> 7<211> 1096<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 7

```

tcttgctttg ttgcatgact agttgttgca gttgcctcaa gggTgcatgc tcttTtggtt 60
cttgctgcaa gtttgatgag gatgactctg agccagttct caaggggtgtc aaattacatt 120
acacataaac gaacttatgg atttgtttat gagatTTTTT actcttggat caattactgc 180
acagccagta aaaattgaca atgcttctcc tgcaagtact gttcatgcta cagcaacgat 240
accgctacia gcctcactcc ctttcggatg gcttgttatt ggcgttgcat ttcttgctgt 300
ttttcagagc gctacaaaaa taattgcgct caataaaaga tggcagctag ccctttataa 360
gggcttccag ttcatttgca atttactgct gctatttggt accatctatt cacatctttt 420
gcttgctcgt gcaggtatgg aggcgcaatt tttgtacctc tatgccttga tatattttct 480
acaatgcata aacgcatgta gaattattat gagatgttgg ctttgttgga agtgcaaatac 540
caagaaccca ttactttatg atgccaaata ctttgtttgc tggcacacac ataactatga 600
ctactgtata ccatataaca gtgtcacaga tacaattgtc gttactgaag gtgacggcat 660
ttcaacacca aaactcaaag aagactacca aattggTggt tattctgagg ataggcactc 720
aggtgttaaa gactatgtcg ttgtacatgg ctatttcacc gaagtttact accagcttga 780

```

S226CAS111.ST25

```

gtctacacaa attactacag acactgggtat tgaaaatgct acattcttca tctttaacaa 840
gcttggttaaa gaccaccga atgtgcaa atcacacaatc gacggctctt caggagtgtc 900
taatccagca atggatccaa tttatgatga gccgacgacg actactagcg tgcctttgta 960
agcacaagaa agtgagtacg aacttatgta ctcatctggt tcggaagaaa caggtacgtt 1020
aatagttaat agcgtacttc tttttcttgc tttcgtggta ttcttgctag tcacactagc 1080
catccttact gcgctt 1096

```

```

<210> 8<211> 1135<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 8
attgccatcg tcatgggtac aatcttgctt tggtgcatga ctagttgttg cagttgcctc 60
aaggggtgcat gctcttggtg ttcttgctgc aagtttgatg aggatgactc tgagccagtt 120
ctcaaggggtg tcaaattaca ttacacataa acgaacttat ggatttggtt atgagatttt 180
ttactcttgg atcaattact gcacagccag taaaaattga caatgcttct cctgcaagta 240
ctgttcatgc tacagcaacg ataccgctac aagcctcact ccctttcgga tggcttgta 300
ttggcggtgc atttcttgct gtttttcaga gcgctaccaa aataattgcg ctcaataaaa 360
gatggcagct agccctttat aagggcttcc agttcatttg caatttactg ctgctatttg 420
ttaccatcta ttacatctt ttgcttgctg ctgcaggtat ggaggcgcaa tttttgtacc 480
tctatgcctt gatatatatt ctacaatgca tcaacgcatg tagaattatt atgagatgtt 540
ggctttgttg gaagtgcaa tccaagaacc cattacttta tgatgccaac tactttgttt 600
gctggcacac acataactat gactactgta taccatataa cagtgtcaca gatacaattg 660
tcgttactga aggtgacggc atttcaacac caaaactcaa agaagactac caaattgggtg 720
gttattctga ggataggcac tcaggtgtta aagactatgt cgttgtacat ggctatttca 780
ccgaagttta ctaccagctt gagtctacac aaattactac agacactggg attgaaaatg 840
ctacattctt catctttaac aagcttgta aagaccacc gaatgtgcaa atacacacaa 900
tcgacggctc ttcaggagtt gctaatccag caatggatcc aatttatgat gagccgacga 960
cgactactag cgtgcctttg taagcacaag aaagtgagta cgaacttatg tactcattcg 1020
tttcggaaga aacaggtacg ttaatagtta atagcgtact tctttttctt gctttcgtgg 1080
tattcttgct agtcacacta gccatcctta ctgcgcttcg attgtgtgctg tactg 1135

```

<210> 9<211> 1096<212> DNA<213> CORONAVIRUS<220><221> CDS<222>
(137)..(958)<223>

```

<400> 9
tcttgctttg ttgcatgact agttgttgca gttgcctcaa ggggtgcatgc tcttggtggtt 60
cttgctgcaa gtttgatgag gatgactctg agccagttct caaggggtgc aaattacatt 120
acacataaac gaactt atg gat ttg ttt atg aga ttt ttt act ctt gga tca 172
          Met Asp Leu Phe Met Arg Phe Phe Thr Leu Gly Ser
          1          5          10
att act gca cag cca gta aaa att gac aat gct tct cct gca agt act 220
Ile Thr Ala Gln Pro Val Lys Ile Asp Asn Ala Ser Pro Ala Ser Thr
          15          20          25

```

S226CAS111.ST25

gtt cat gct aca gca acg ata ccg cta caa gcc tca ctc cct ttc gga 268
 Val His Ala Thr Ala Thr Ile Pro Leu Gln Ala Ser Leu Pro Phe Gly
 30 35 40

tgg ctt gtt att ggc gtt gca ttt ctt gct gtt ttt cag agc gct acc 316
 Trp Leu Val Ile Gly Val Ala Phe Leu Ala Val Phe Gln Ser Ala Thr
 45 50 55 60

aaa ata att gcg ctc aat aaa aga tgg cag cta gcc ctt tat aag ggc 364
 Lys Ile Ile Ala Leu Asn Lys Arg Trp Gln Leu Ala Leu Tyr Lys Gly
 65 70 75

ttc cag ttc att tgc aat tta ctg ctg cta ttt gtt acc atc tat tca 412
 Phe Gln Phe Ile Cys Asn Leu Leu Leu Leu Phe Val Thr Ile Tyr Ser
 80 85 90

cat ctt ttg ctt gtc gct gca ggt atg gag gcg caa ttt ttg tac ctc 460
 His Leu Leu Leu Val Ala Ala Gly Met Glu Ala Gln Phe Leu Tyr Leu
 95 100 105

tat gcc ttg ata tat ttt cta caa tgc atc aac gca tgt aga att att 508
 Tyr Ala Leu Ile Tyr Phe Leu Gln Cys Ile Asn Ala Cys Arg Ile Ile
 110 115 120

atg aga tgt tgg ctt tgt tgg aag tgc aaa tcc aag aac cca tta ctt 556
 Met Arg Cys Trp Leu Cys Trp Lys Cys Lys Ser Lys Asn Pro Leu Leu
 125 130 135 140

tat gat gcc aac tac ttt gtt tgc tgg cac aca cat aac tat gac tac 604
 Tyr Asp Ala Asn Tyr Phe Val Cys Trp His Thr His Asn Tyr Asp Tyr
 145 150 155

tgt ata cca tat aac agt gtc aca gat aca att gtc gtt act gaa ggt 652
 Cys Ile Pro Tyr Asn Ser Val Thr Asp Thr Ile Val Val Thr Glu Gly
 160 165 170

gac ggc att tca aca cca aaa ctc aaa gaa gac tac caa att ggt ggt 700
 Asp Gly Ile Ser Thr Pro Lys Leu Lys Glu Asp Tyr Gln Ile Gly Gly
 175 180 185

tat tct gag gat agg cac tca ggt gtt aaa gac tat gtc gtt gta cat 748
 Tyr Ser Glu Asp Arg His Ser Gly Val Lys Asp Tyr Val Val Val His
 190 195 200

ggc tat ttc acc gaa gtt tac tac cag ctt gag tct aca caa att act 796
 Gly Tyr Phe Thr Glu Val Tyr Tyr Gln Leu Glu Ser Thr Gln Ile Thr
 205 210 215 220

aca gac act ggt att gaa aat gct aca ttc ttc atc ttt aac aag ctt 844
 Thr Asp Thr Gly Ile Glu Asn Ala Thr Phe Phe Ile Phe Asn Lys Leu
 225 230 235

gtt aaa gac cca ccg aat gtg caa ata cac aca atc gac ggc tct tca 892
 Val Lys Asp Pro Pro Asn Val Gln Ile His Thr Ile Asp Gly Ser Ser
 240 245 250

gga gtt gct aat cca gca atg gat cca att tat gat gag ccg acg acg 940
 Gly Val Ala Asn Pro Ala Met Asp Pro Ile Tyr Asp Glu Pro Thr Thr
 255 260 265

act act agc gtg cct ttg taagcacaag aaagtgaagta cgaacttatg 988
 Thr Thr Ser Val Pro Leu
 270

tactcattcg tttcgaaga aacaggtagc ttaatagtta atagcgtact tctttttctt 1048

gctttcgtgg tattcttgct agtcacacta gccatcctta ctgcgctt 1096

S226CAS111.ST25

<210> 10<211> 274<212> PRT<213> CORONAVIRUS<400> 10

Met Asp Leu Phe Met Arg Phe Phe Thr Leu Gly Ser Ile Thr Ala Gln
1 5 10 15Pro Val Lys Ile Asp Asn Ala Ser Pro Ala Ser Thr Val His Ala Thr
20 25 30Ala Thr Ile Pro Leu Gln Ala Ser Leu Pro Phe Gly Trp Leu Val Ile
35 40 45Gly Val Ala Phe Leu Ala Val Phe Gln Ser Ala Thr Lys Ile Ile Ala
50 55 60Leu Asn Lys Arg Trp Gln Leu Ala Leu Tyr Lys Gly Phe Gln Phe Ile
65 70 75 80Cys Asn Leu Leu Leu Leu Phe Val Thr Ile Tyr Ser His Leu Leu Leu
85 90 95Val Ala Ala Gly Met Glu Ala Gln Phe Leu Tyr Leu Tyr Ala Leu Ile
100 105 110Tyr Phe Leu Gln Cys Ile Asn Ala Cys Arg Ile Ile Met Arg Cys Trp
115 120 125Leu Cys Trp Lys Cys Lys Ser Lys Asn Pro Leu Leu Tyr Asp Ala Asn
130 135 140Tyr Phe Val Cys Trp His Thr His Asn Tyr Asp Tyr Cys Ile Pro Tyr
145 150 155 160Asn Ser Val Thr Asp Thr Ile Val Val Thr Glu Gly Asp Gly Ile Ser
165 170 175Thr Pro Lys Leu Lys Glu Asp Tyr Gln Ile Gly Gly Tyr Ser Glu Asp
180 185 190Arg His Ser Gly Val Lys Asp Tyr Val Val Val His Gly Tyr Phe Thr
195 200 205Glu Val Tyr Tyr Gln Leu Glu Ser Thr Gln Ile Thr Thr Asp Thr Gly
210 215 220Ile Glu Asn Ala Thr Phe Phe Ile Phe Asn Lys Leu Val Lys Asp Pro
225 230 235 240Pro Asn Val Gln Ile His Thr Ile Asp Gly Ser Ser Gly Val Ala Asn
245 250 255

S226CAS111.ST25
Pro Ala Met Asp Pro Ile Tyr Asp Glu Pro Thr Thr Thr Thr Ser Val
260 265 270

Pro Leu

<210> 11<211> 1096<212> DNA<213> CORONAVIRUS<220><221> CDS<222>
(558)..(1019)<223>

<400> 11
tcttgctttg ttgcatgact agttgttgca gttgcctcaa ggggtgcatgc tcttggtggtt 60
cttgctgcaa gtttgatgag gatgactctg agccagttct caagggtgct aaattacatt 120
acacataaac gaacttatgg atttgtttat gagatttttt actcttggtat caattactgc 180
acagccagta aaaattgaca atgcttctcc tgcaagtact gttcatgcta cagcaacgat 240
accgctacaa gcctcactcc ctttcggatg gcttggttatt ggcgttgcat ttcttgctgt 300
ttttcagagc gctaccaaaa taattgctgct caataaaaaga tggcagctag ccctttataa 360
gggcttccag ttcatttgca atttactgct gctatttggt accatctatt cacatctttt 420
gcttgctgct gcaggtatgg aggcgcaatt tttgtacctc tatgccttga tatattttct 480
acaatgcatt aacgcatgta gaattattat gagatgttgg ctttggttga agtgcaaatt 540
caagaaccca ttacttt atg atg cca act act ttg ttt gct ggc aca cac 590
Met Met Pro Thr Thr Leu Phe Ala Gly Thr His
1 5 10
ata act atg act act gta tac cat ata aca gtg tca cag ata caa ttg 638
Ile Thr Met Thr Thr Val Tyr His Ile Thr Val Ser Gln Ile Gln Leu
15 20 25
tcg tta ctg aag gtg acg gca ttt caa cac caa aac tca aag aag act 686
Ser Leu Leu Lys Val Thr Ala Phe Gln His Gln Asn Ser Lys Lys Thr
30 35 40
acc aaa ttg gtg gtt att ctg agg ata ggc act cag gtg tta aag act 734
Thr Lys Leu Val Val Ile Leu Arg Ile Gly Thr Gln Val Leu Lys Thr
45 50 55
atg tcg ttg tac atg gct att tca ccg aag ttt act acc agc ttg agt 782
Met Ser Leu Tyr Met Ala Ile Ser Pro Lys Phe Thr Thr Ser Leu Ser
60 65 70 75
cta cac aaa tta cta cag aca ctg gta ttg aaa atg cta cat tct tca 830
Leu His Lys Leu Leu Gln Thr Leu Val Leu Lys Met Leu His Ser Ser
80 85 90
tct tta aca agc ttg tta aag acc cac cga atg tgc aaa tac aca caa 878
Ser Leu Thr Ser Leu Leu Lys Thr His Arg Met Cys Lys Tyr Thr Gln
95 100 105
tcg acg gct ctt cag gag ttg cta atc cag caa tgg atc caa ttt atg 926
Ser Thr Ala Leu Gln Glu Leu Ile Gln Gln Trp Ile Gln Phe Met
110 115 120
atg agc cga cga cga cta cta gcg tgc ctt tgt aag cac aag aaa gtg 974
Met Ser Arg Arg Arg Leu Leu Ala Cys Leu Cys Lys His Lys Lys Val
125 130 135
agt acg aac tta tgt act cat tcg ttt cgg aag aaa cag gta cgt 1019
Ser Thr Asn Leu Cys Thr His Ser Phe Arg Lys Lys Gln Val Arg

S226CAS111.ST25

acg gtt tac gtc tac tcg cgt gtt aaa aat ctg aac tct tct gaa gga 245
 Thr Val Tyr Val Tyr Ser Arg Val Lys Asn Leu Asn Ser Ser Glu Gly
 55 60 65 70

gtt cct gat ctt ctg gtc taaacgaact aactattatt attattctgt 293
 Val Pro Asp Leu Leu Val
 75

ttggaacttt aacattgctt atcatggcag acaacggta 332

<210> 14<211> 76<212> PRT<213> CORONAVIRUS<400> 14

Met Tyr Ser Phe Val Ser Glu Glu Thr Gly Thr Leu Ile Val Asn Ser
 1 5 10 15

Val Leu Leu Phe Leu Ala Phe Val Val Phe Leu Leu Val Thr Leu Ala
 20 25 30

Ile Leu Thr Ala Leu Arg Leu Cys Ala Tyr Cys Cys Asn Ile Val Asn
 35 40 45

Val Ser Leu Val Lys Pro Thr Val Tyr Val Tyr Ser Arg Val Lys Asn
 50 55 60

Leu Asn Ser Ser Glu Gly Val Pro Asp Leu Leu Val
 65 70 75

<210> 15<211> 332<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 15'
 tgcctttgta agcacaagaa agtgagtacg aacttatgta ctcattcgtt tcggaagaaa 60

caggtacgtt aatagttaat agcgtacttc tttttcttgc tttcgtggta ttcttgctag 120

tcacactagc catccttact gcgcttcgat tgtgtgcgta ctgctgcaat attgttaacg 180

tgagtttagt aaaaccaacg gtttacgtct actcgcgtgt taaaaatctg aactcttctg 240

aaggagttcc tgatcttctg gtctaaacga actaactatt attattattc tgtttggaaac 300

tttaacattg cttatcatgg cagacaacgg ta 332

<210> 16<211> 708<212> DNA<213> CORONAVIRUS<220><221> CDS<222>
 (41)..(703)<223>

<400> 16
 tattattatt attctgtttg gaactttaac attgcttatc atg gca gac aac ggt 55
 Met Ala Asp Asn Gly
 1 5

act att acc gtt gag gag ctt aaa caa ctc ctg gaa caa tgg aac cta 103
 Thr Ile Thr Val Glu Glu Leu Lys Gln Leu Leu Glu Gln Trp Asn Leu
 10 15 20

gta ata ggt ttc cta ttc cta gcc tgg att atg tta cta caa ttt gcc 151
 Val Ile Gly Phe Leu Phe Leu Ala Trp Ile Met Leu Leu Gln Phe Ala
 25 30 35

tat tct aat cgg aac agg ttt ttg tac ata ata aag ctt gtt ttc ctc 199
 Tyr Ser Asn Arg Asn Arg Phe Leu Tyr Ile Ile Lys Leu Val Phe Leu
 40 45 50

S226CAS111.ST25

tgg	ctc	ttg	tgg	cca	gta	aca	ctt	gct	tgt	ttt	gtg	ctt	gct	gct	gtc	247
Trp	Leu	Leu	Trp	Pro	Val	Thr	Leu	Ala	Cys	Phe	Val	Leu	Ala	Ala	Val	
55						60					65					
tac	aga	att	aat	tgg	gtg	act	ggc	ggg	att	gcg	att	gca	atg	gct	tgt	295
Tyr	Arg	Ile	Asn	Trp	Val	Thr	Gly	Gly	Ile	Ala	Ile	Ala	Met	Ala	Cys	
70					75					80					85	
att	gta	ggc	ttg	atg	tgg	ctt	agc	tac	ttc	gtt	gct	tcc	ttc	agg	ctg	343
Ile	Val	Gly	Leu	Met	Trp	Leu	Ser	Tyr	Phe	Val	Ala	Ser	Phe	Arg	Leu	
				90					95					100		
ttt	gct	cgt	acc	cgc	tca	atg	tgg	tca	ttc	aac	cca	gaa	aca	aac	att	391
Phe	Ala	Arg	Thr	Arg	Ser	Met	Trp	Ser	Phe	Asn	Pro	Glu	Thr	Asn	Ile	
			105					110					115			
ctt	ctc	aat	gtg	cct	ctc	cgg	ggg	aca	att	gtg	acc	aga	ccg	ctc	atg	439
Leu	Leu	Asn	Val	Pro	Leu	Arg	Gly	Thr	Ile	Val	Thr	Arg	Pro	Leu	Met	
		120					125					130				
gaa	agt	gaa	ctt	gtc	att	ggt	gct	gtg	atc	att	cgt	ggt	cac	ttg	cga	487
Glu	Ser	Glu	Leu	Val	Ile	Gly	Ala	Val	Ile	Ile	Arg	Gly	His	Leu	Arg	
	135					140					145					
atg	gcc	gga	cac	tcc	cta	ggg	cgc	tgt	gac	att	aag	gac	ctg	cca	aaa	535
Met	Ala	Gly	His	Ser	Leu	Gly	Arg	Cys	Asp	Ile	Lys	Asp	Leu	Pro	Lys	
150					155					160					165	
gag	atc	act	gtg	gct	aca	tca	cga	acg	ctt	tct	tat	tac	aaa	tta	gga	583
Glu	Ile	Thr	Val	Ala	Thr	Ser	Arg	Thr	Leu	Ser	Tyr	Tyr	Lys	Leu	Gly	
				170					175					180		
gcg	tcg	cag	cgt	gta	ggc	act	gat	tca	ggt	ttt	gct	gca	tac	aac	cgc	631
Ala	Ser	Gln	Arg	Val	Gly	Thr	Asp	Ser	Gly	Phe	Ala	Ala	Tyr	Asn	Arg	
			185					190					195			
tac	cgt	att	gga	aac	tat	aaa	tta	aat	aca	gac	cac	gcc	ggt	agc	aac	679
Tyr	Arg	Ile	Gly	Asn	Tyr	Lys	Leu	Asn	Thr	Asp	His	Ala	Gly	Ser	Asn	
		200					205					210				
gac	aat	att	gct	ttg	cta	gta	cag	taagt								708
Asp	Asn	Ile	Ala	Leu	Leu	Val	Gln									
	215					220										

<210> 17<211> 221<212> PRT<213> CORONAVIRUS<400> 17

Met Ala Asp Asn Gly Thr Ile Thr Val Glu Glu Leu Lys Gln Leu Leu
1 5 10 15Glu Gln Trp Asn Leu Val Ile Gly Phe Leu Phe Leu Ala Trp Ile Met
20 25 30Leu Leu Gln Phe Ala Tyr Ser Asn Arg Asn Arg Phe Leu Tyr Ile Ile
35 40 45Lys Leu Val Phe Leu Trp Leu Leu Trp Pro Val Thr Leu Ala Cys Phe
50 55 60Val Leu Ala Ala Val Tyr Arg Ile Asn Trp Val Thr Gly Gly Ile Ala
65 70 75 80

Ile Ala Met Ala Cys Ile Val Gly Leu Met Trp Leu Ser Tyr Phe Val

Ala Ser Phe Arg Leu Phe Ala Arg Thr Arg Ser Met Trp Ser Phe Asn
100 105 110
Pro Glu Thr Asn Ile Leu Leu Asn Val Pro Leu Arg Gly Thr Ile Val
115 120 125
Thr Arg Pro Leu Met Glu Ser Glu Leu Val Ile Gly Ala Val Ile Ile
130 135 140
Arg Gly His Leu Arg Met Ala Gly His Ser Leu Gly Arg Cys Asp Ile
145 150 155 160
Lys Asp Leu Pro Lys Glu Ile Thr Val Ala Thr Ser Arg Thr Leu Ser
165 170 175
Tyr Tyr Lys Leu Gly Ala Ser Gln Arg Val Gly Thr Asp Ser Gly Phe
180 185 190
Ala Ala Tyr Asn Arg Tyr Arg Ile Gly Asn Tyr Lys Leu Asn Thr Asp
195 200 205
His Ala Gly Ser Asn Asp Asn Ile Ala Leu Leu Val Gln
210 215 220

<210> 18<211> 769<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 18 60
cctgatcttc tggctaaac gaactaacta ttattattat tctgtttgga actttaacat
tgcttatcat ggcagacaac ggtactatta ccgttgagga gcttaaaca ctcctggaac 120
aatggaacct agtaataggt ttcctattcc tagcctggat tatgttacta caatttgctt 180
attctaactg gaacagggtt ttgtacataa taaagcttgt tttcctctgg ctcttggtggc 240
cagtaacact tgcttggttt gtgcttgctg ctgtctacag aattaattgg gtgactggcg 300
ggattgcat tgcaatggct tgtattgtag gcttgatgtg gcttagctac ttcgttgctt 360
ccttcaggct gtttgctcgt acccgctcaa tgtgggtcatt caaccagaa acaaacattc 420
ttctcaatgt gcctctccgg gggacaattg tgaccagacc gctcatggaa agtgaacttg 480
tcattggtgc tgtgatcatt cgtgggtcact tgcgaatggc cggacactcc ctagggcgct 540
gtgacattaa ggacctgcca aaagagatca ctgtggctac atcacgaacg ctttcttatt 600
acaaattagg agcgtcgag cgtgtaggca ctgattcagg ttttgctgca tacaaccgct 660
accgtattgg aaactataaa ttaaatacag accacgccgg tagcaacgac aatattgctt 720
tgctagtaca gtaagtgaac acagatgttt catcttggtg acttccagg 769

<210> 19<211> 1231<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 19 60
taccgtattg gaaactataa attaaataca gaccacgccg gtagcaacga caatattgct 60
ttgctagtac agtaagtgaac aacagatgtt tcattctgtt gacttccagg ttacaatagc 120



S226CAS111.ST25

agagatatattg attatcatta tgaggacttt caggattgct atttggaatc ttgacgttat 180
 aataagttca atagtgagac aattatttaa gcctctaact aagaagaatt attcggagtt 240
 agatgatgaa gaacctatgg agttagatta tccataaaac gaacatgaaa attattctct 300
 tcctgacatt gattgtattt acatcttgcg agctatatca ctatcaggag tgtgttagag 360
 gtacgactgt actactaaaa gaaccttgcc catcaggaac atacgagggc aattcaccat 420
 ttcaccctct tgctgacaat aaatttgcac taacttgcac tagcacacac tttgcttttg 480
 cttgtgctga cggtagctga catacctatc agctgcgtgc aagatcagtt tcaccaaacc 540
 ttttcatcag acaagaggag gttcaacaag agctctactc gccacttttt ctcatgttg 600
 ctgctctagt atttttaata ctttgcttca ccattaagag aaagacagaa tgaatgagct 660
 cactttaatt gacttctatt tgtgcttttt agcctttctg ctattccttg ttttaataat 720
 gcttattata ttttggtttt cactcgaaat ccaggatcta gaagaacctt gtaccaaagt 780
 ctaaaccgaac atgaaacttc tcattgtttt gacttgtatt tctctatgca gttgcatatg 840
 cactgtagta cagcgctgtg catctaataa acctcatgtg cttgaagatc cttgtaaggt 900
 acaacactag gggtaatact tatagcactg cttggctttg tgctctagga aagggtttac 960
 cttttcatag atggcacact atggttcaaa catgcacacc taatgttact atcaactgtc 1020
 aagatccagc tgggtggtgcg cttatagcta ggtgttggtta cttcatgaa ggtcaccaaa 1080
 ctgctgcatt tagagacgta cttgttgttt taaataaacg aacaaattaa aatgtctgat 1140
 aatggacccc aatcaaacca acgtagtgcc cccgcatta catttggtgg acccacagat 1200
 tcaactgaca ataaccagaa tggaggacgc a 1231

<210> 20<211> 1242<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 20
 gcatacaacc gctaccgtat tggaaactat aaattaaata cagaccacgc cggtagcaac 60
 gacaatattg ctttgctagt acagtaagtg acaacagatg tttcatcttg ttgacttcca 120
 gggttacaata gcagagatat tgattatcat tatgaggact ttcaggattg ctatttgga 180
 tcttgacgtt ataataagtt caatagttag acagttattt aagcctctaa ctaagaagaa 240
 ttattcggag ttagatgatg aagaacctat ggagttagat tatccataaa acgaacatga 300
 aaattattct cttcctgaca ttgattgtat ttacatcttg cgagctatat cactatcagg 360
 agtggttag aggtacgact gtactactaa aagaaccttg cccatcagga acatacgagg 420
 gcaattcacc atttcaccct cttgctgaca ataaatttgc actaacttgc actagcacac 480
 actttgcttt tgcttgtgct gacggtagct gacataccta tcagctgcgt gcaagatcag 540
 tttcaccaaa acttttctatc agacaagagg aggttcaaca agagctctac tcgccacttt 600
 ttctcattgt tgctgctcta gtatttttaa tactttgctt caccattaag agaaagacag 660
 aatgaatgag ctactttta ttgacttcta tttgtgcttt ttagcctttc tgctattcct 720
 tgttttaata atgcttatta tttttggtt ttcactcgaa atccaggatc tagaagaacc 780
 ttgtacaaa gtctaaacga acatgaaact tctcattgtt ttgacttgta tttctctatg 840

S226CAS111.ST25

cagttgcata tgcactgtag tacagcgctg tgcattctaat aaacctcatg tgcttgaaga	900
tccttgtaag gtacaacact aggggtaata cttatagcac tgcttggtt tgtgctctag	960
gaaagggtttt accttttcat agatggcaca ctatggttca aacatgcaca cctaattgta	1020
ctatcaactg tcaagatcca gctgggtggtg cgcttatagc taggtgttgg taccttcatg	1080
aaggtcacca aactgctgca tttagagacg tacttggttgt tttaaataaa cgaacgaatt	1140
aaaatgtctg ataattggacc ccaatcaaac caacgtagtg ccccccgcac tacatttggt	1200
ggaccacag attcaactga caataaccag aatggaggac gc	1242

<210> 21<211> 1231<212> DNA<213> CORONAVIRUS<220><221> CDS<222>
(86)..(274)<223>

<400> 21

taccgtattg gaaactataa attaaatata gaccacgccg gtagcaacga caatattgct	60
ttgctagtac agtaagtac aacag atg ttt cat ctt gtt gac ttc cag gtt	112
Met Phe His Leu Val Asp Phe Gln Val	
1 5	
aca ata gca gag ata ttg att atc att atg agg act ttc agg att gct	160
Thr Ile Ala Glu Ile Leu Ile Ile Ile Met Arg Thr Phe Arg Ile Ala	
10 15 20 25	
att tgg aat ctt gac gtt ata ata agt tca ata gtg aga caa tta ttt	208
Ile Trp Asn Leu Asp Val Ile Ile Ser Ser Ile Val Arg Gln Leu Phe	
30 35 40	
aag cct cta act aag aag aat tat tgc gag tta gat gat gaa gaa cct	256
Lys Pro Leu Thr Lys Lys Asn Tyr Ser Glu Leu Asp Asp Glu Glu Pro	
45 50 55	
atg gag tta gat tat cca taaaacgaac atgaaaatta ttctcttctt	304
Met Glu Leu Asp Tyr Pro	
60	
gacattgatt gtatttacct cttgcgagct atatcactat caggagtgtg ttagaggtag	364
gactgtacta ctaaaagaac cttgcccatc aggaacatac gagggcaatt caccatttca	424
ccctcttgct gacaataaat ttgcactaac ttgcactagc acacactttg cttttgcttg	484
tgctgacggt actcgacata cctatcagct gcgtgcaaga tcagtttcac caaaactttt	544
catcagacaa gaggagggtt aacaagagct ctactcgcca ctttttctca ttgttgctgc	604
tctagtattt ttaatacttt gcttcaccat taagagaaag acagaatgaa tgagctcact	664
ttaattgact tctatttggt ctttttagcc tttctgctat tccttggttt aataatgctt	724
attatatttt ggttttctact cgaaatccag gatctagaag aaccttgtag caaagtctaa	784
acgaacatga aacttctcat tgttttgact tgtatttctc tatgcagttg catatgcact	844
gtagtacagc gctgtgcatc taataaacct catgtgcttg aagatccttg taaggtaaa	904
cactaggggt aatacttata gcaactgctg gctttgtgct ctaggaaagg ttttaccttt	964
tcatagatgg cacactatgg ttcaaactat cacacctaatt gttactatca actgtcaaga	1024
tccagctggt ggtgcgctta tagctaggtg ttggtacctt catgaagggt accaaactgc	1084
tgcatthaga gacgtacttg ttgttttaaa taaacgaaca aattaaaatg tctgataatg	1144

S226CAS111.ST25

gacccaatc aaaccaacgt agtgcccccc gcattacatt tggtaggaccc acagattcaa 1204
ctgacaataa ccagaatgga ggacgca 1231

<210> 22<211> 63<212> PRT<213> CORONAVIRUS<400> 22

Met Phe His Leu Val Asp Phe Gln Val Thr Ile Ala Glu Ile Leu Ile
1 5 10 15

Ile Ile Met Arg Thr Phe Arg Ile Ala Ile Trp Asn Leu Asp Val Ile
20 25 30

Ile Ser Ser Ile Val Arg Gln Leu Phe Lys Pro Leu Thr Lys Lys Asn
35 40 45

Tyr Ser Glu Leu Asp Asp Glu Glu Pro Met Glu Leu Asp Tyr Pro
50 55 60

<210> 23<211> 1231<212> DNA<213> CORONAVIRUS<220><221> CDS<222>
(285)..(650)<223>

<400> 23

taccgtattg gaaactataa attaaatata gaccacgccg gtagcaacga caatattgct 60

ttgctagtac agtaagtgac aacagatggt tcattctgtt gacttccagg ttacaatagc 120

agagatattg attatcatta tgaggacttt caggattgct atttggaatc ttgacgttat 180

aataagttca atagtggagac aattatttaa gcctctaact aagaagaatt attcggagtt 240

agatgatgaa gaacctatgg agtttagatta tccataaaac gaac atg aaa att att 296
Met Lys Ile Ile
1

ctc ttc ctg aca ttg att gta ttt aca tct tgc gag cta tat cac tat 344
Leu Phe Leu Thr Leu Ile Val Phe Thr Ser Cys Glu Leu Tyr His Tyr
5 10 15 20

cag gag tgt gtt aga ggt acg act gta cta cta aaa gaa cct tgc cca 392
Gln Glu Cys Val Arg Gly Thr Thr Val Leu Leu Lys Glu Pro Cys Pro
25 30 35

tca gga aca tac gag ggc aat tca cca ttt cac cct ctt gct gac aat 440
Ser Gly Thr Tyr Glu Gly Asn Ser Pro Phe His Pro Leu Ala Asp Asn
40 45 50

aaa ttt gca cta act tgc act agc aca cac ttt gct ttt gct tgt gct 488
Lys Phe Ala Leu Thr Cys Thr Ser Thr His Phe Ala Phe Ala Cys Ala
55 60 65

gac ggt act cga cat acc tat cag ctg cgt gca aga tca gtt tca cca 536
Asp Gly Thr Arg His Thr Tyr Gln Leu Arg Ala Arg Ser Val Ser Pro
70 75 80

aaa ctt ttc atc aga caa gag gag gtt caa caa gag ctc tac tcg cca 584
Lys Leu Phe Ile Arg Gln Glu Glu Val Gln Gln Glu Leu Tyr Ser Pro
85 90 95 100

ctt ttt ctc att gtt gct gct cta gta ttt tta ata ctt tgc ttc acc 632
Leu Phe Leu Ile Val Ala Ala Leu Val Phe Leu Ile Leu Cys Phe Thr
105 110 115

S226CAS111.ST25

att aag aga aag aca gaa tgaatgagct cactttaatt gacttctatt 680
 ile Lys Arg Lys Thr Glu
 120

tgtgcttttt agccttttctg ctattccttg ttttaataat gcttattata ttttggtttt 740
 cactcgaaat ccaggatcta gaagaacctt gtaccaaagt ctaaacgaac atgaaacttc 800
 tcattgtttt gacttgtatt tctctatgca gttgcatatg cactgtagta cagcgctgtg 860
 catctaataa acctcatgtg cttgaagatc cttgtaagggt acaacactag gggtaatact 920
 tatagcactg cttggccttg tgctctagga aagggttttac cttttcatag atggcacact 980
 atggttcaaa catgcacacc taatgttact atcaactgtc aagatccagc tgggtggtgcg 1040
 cttatagcta ggtgttggtta ctttcatgaa ggtcaccaaaa ctgctgcatt tagagacgta 1100
 cttgttgttt taaataaacg aacaaattaa aatgtctgat aatggacccc aatcaaacca 1160
 acgtagtgcc ccccgatta catttggtgg acccacagat tcaactgaca ataaccagaa 1220
 tggaggacgc a 1231

<210> 24<211> 122<212> PRT<213> CORONAVIRUS<400> 24

Met Lys ile ile Leu Phe Leu Thr Leu ile Val Phe Thr Ser Cys Glu
 1 5 10 15

Leu Tyr His Tyr Gln Glu Cys Val Arg Gly Thr Thr Val Leu Leu Lys
 20 25 30

Glu Pro Cys Pro Ser Gly Thr Tyr Glu Gly Asn Ser Pro Phe His Pro
 35 40 45

Leu Ala Asp Asn Lys Phe Ala Leu Thr Cys Thr Ser Thr His Phe Ala
 50 55 60

Phe Ala Cys Ala Asp Gly Thr Arg His Thr Tyr Gln Leu Arg Ala Arg
 65 70 75 80

Ser Val Ser Pro Lys Leu Phe ile Arg Gln Glu Glu Val Gln Gln Glu
 85 90 95

Leu Tyr Ser Pro Leu Phe Leu ile Val Ala Ala Leu Val Phe Leu ile
 100 105 110

Leu Cys Phe Thr ile Lys Arg Lys Thr Glu
 115 120

<210> 25<211> 1231<212> DNA<213> CORONAVIRUS<220><221> CDS<222>
 (650)..(781)<223>

<400> 25
 taccgtattg gaaactataa attaaatata gaccacgccg gtagcaacga caatattgct 60
 ttgctagtac agtaagtgc aacagatgtt tcatcttggt gacttccagg ttacaatagc 120
 agagatattg attatcatta tgaggacttt caggattgct atttggaatc ttgacgttat 180

S226CAS111.ST25

aataagttca atagttagac aattatttaa gcctctaact aagaagaatt attcggagtt 240
agatgatgaa gaacctatgg agtttagatta tccataaaac gaacatgaaa attattctct 300
tcctgacatt gattgtattt acatcttgcg agctatatca ctatcaggag tgtgttagag 360
gtacgactgt actactaaaa gaaccttgcc catcaggaac atacgagggc aattcaccat 420
ttcacctctt tgctgacaat aaatttgac taacttgac tagcacacac tttgcttttg 480
cttgtgctga cggtagctga catacctatc agctgcgtgc aagatcagtt tcaccaaacc 540
ttttcatcag acaagaggag gttcaacaag agctctactc gccacttttt ctcattgttg 600
ctgctctagt atttttaata ctttgcttca ccattaagag aaagacaga atg aat gag 658
Met Asn Glu
1
ctc act tta att gac ttc tat ttg tgc ttt tta gcc ttt ctg cta ttc 706
Leu Thr Leu Ile Asp Phe Tyr Leu Cys Phe Leu Ala Phe Leu Leu Phe
5 10 15
ctt gtt tta ata atg ctt att ata ttt tgg ttt tca ctc gaa atc cag 754
Leu Val Leu Ile Met Leu Ile Ile Phe Trp Phe Ser Leu Glu Ile Gln
20 25 30 35
gat cta gaa gaa cct tgt acc aaa gtc taaacgaaca tgaaacttct 801
Asp Leu Glu Glu Pro Cys Thr Lys Val
40
cattgttttg acttgattt ctctatgcag ttgcatatgc actgtagtac agcgctgtgc 861
atctaataaa cctcatgtgc ttgaagatcc ttgtaaggta caacactagg ggtaatactt 921
atagcactgc ttggctttgt gctctaggaa aggttttacc ttttcataga tggcacacta 981
tggttcaaac atgcacacct aatgttacta tcaactgtca agatccagct ggtggtgcgc 1041
ttatagctag gtgttggtac cttcatgaag gtcaccaaac tgctgcattt agagacgtac 1101
ttgttgtttt aaataaacga acaaattaaa atgtctgata atggacccca atcaaaccaa 1161
cgtagtgccc cccgcattac atttggtgga cccacagatt caactgacaa taaccagaat 1221
ggaggacgca 1231

<210> 26<211> 44<212> PRT<213> CORONAVIRUS<400> 26

Met Asn Glu Leu Thr Leu Ile Asp Phe Tyr Leu Cys Phe Leu Ala Phe
1 5 10 15

Leu Leu Phe Leu Val Leu Ile Met Leu Ile Ile Phe Trp Phe Ser Leu
20 25 30

Glu Ile Gln Asp Leu Glu Glu Pro Cys Thr Lys Val
35 40

<210> 27<211> 1231<212> DNA<213> CORONAVIRUS<220><221> CDS<222>
(791)..(907)<223>

<400> 27
taccgtattg gaaactataa attaaatata gaccacgccg gtagcaacga caatattgct 60

S226CAS111.ST25

```

ttgctagtagc agtaagtgac aacagatggt tcattcttggt gacttccagg ttacaatagc 120
agagatatgtg attatcatta tgaggacttt caggattgct atttggaatc ttgacgttat 180
aataagttca atagtggagac aattatttaa gcctctaact aagaagaatt attcggagtt 240
agatgatgaa gaacctatgg agttagatta tccataaaac gaacatgaaa attattctct 300
tcctgacatt gattgtatgtt acatcttgcg agctatatca ctatcaggag tgtgttagag 360
gtacgactgt actactaaaa gaaccttgcc catcaggaac atacgagggc aattcaccat 420
ttcacctctt tgctgacaat aaatttgcac taacttgcac tagcacacac tttgcttttg 480
cttggtgctga cgggtactcga catacctatc agctgcgtgc aagatcagtt tcaccaaacc 540
ttttcatcag acaagaggag gttcaacaag agctctactc gccacttttt ctcatgtgtg 600
ctgctctagt atttttaata ctttgcttca ccattaagag aaagacagaa tgaatgagct 660
cactttaatt gacttctatt tgtgcttttt agcctttctg ctattccttg ttttaataat 720
gcttattata ttttggtttt cactcgaaat ccaggatcta gaagaacctt gtaccaaagt 780
ctaaacgaac atg aaa ctt ctc att gtt ttg act tgt att tct cta tgc 829
          Met Lys Leu Leu Ile Val Leu Thr Cys Ile Ser Leu Cys
          1             5             10
agt tgc ata tgc act gta gta cag cgc tgt gca tct aat aaa cct cat 877
Ser Cys Ile Cys Thr Val Val Gln Arg Cys Ala Ser Asn Lys Pro His
          15             20             25
gtg ctt gaa gat cct tgt aag gta caa cac taggggtaat acttatagca 927
Val Leu Glu Asp Pro Cys Lys Val Gln His
          30             35
ctgcttggct ttgtgctcta ggaaagggtt taccttttca tagatggcac actatggttc 987
aaacatgcac acctaattgtt actatcaact gtcaagatcc agctgggtggt gcgcttatag 1047
ctaggtgttg gtaccttcat gaaggtcacc aaactgctgc atttagagac gtacttggtg 1107
ttttaataaa acgaacaaat taaaatgtct gataatggac cccaatcaaa ccaacgtagt 1167
gcccccgca ttacatttgg tggaccaca gattcaactg acaataacca gaatggagga 1227
cgca 1231

```

<210> 28<211> 39<212> PRT<213> CORONAVIRUS<400> 28

Met Lys Leu Leu Ile Val Leu Thr Cys Ile Ser Leu Cys Ser Cys Ile
1 5 10 15

Cys Thr Val Val Gln Arg Cys Ala Ser Asn Lys Pro His Val Leu Glu
20 25 30

Asp Pro Cys Lys Val Gln His
35

<210> 29<211> 1231<212> DNA<213> CORONAVIRUS<220><221> CDS<222>
(876)..(1127)<223>

<400> 29
taccgtattg gaaactataa attaaataga gaccacgccg gtagcaacga caatattgct 60

S226CAS111.ST25

```

ttgctagtagc agtaagtgc aacagatggt tcattcttggt gacttccagg ttacaatagc 120
agagatattg attatcatta tgaggacttt caggattgct atttggaatc ttgacgttat 180
aataagttca atagtgcagc aattatttaa gcctctaact aagaagaatt attcggagtt 240
agatgatgaa gaacctatgg agttagatta tccataaaac gaacatgaaa attattctct 300
tcctgacatt gattgtatgt acattcttgcg agctatatca ctatcaggag tgtgttagag 360
gtacgactgt actactaaaa gaaccttgcc catcaggaac atacgagggc aattcaccat 420
ttcacccctt tgctgacaat aaatttgcac taacttgcac tagcacacac tttgcttttg 480
cttgtgctga cgggtactcga catacctatc agctgcgtgc aagatcagtt tcaccaaacc 540
ttttcatcag acaagaggag gttcaacaag agctctactc gccacttttt ctattgttg 600
ctgctctagt atttttaata ctttgcttca ccattaagag aaagacagaa tgaatgagct 660
cactttaatt gacttctatt tgtgcttttt agcctttctg ctattccttg ttttaataat 720
gcttattata ttttggtttt cactcgaaat ccaggatcta gaagaacctt gtaccaaagt 780
ctaaacgaac atgaaacttc tcattgtttt gacttgtatt tctctatgca gttgcatatg 840
cactgtagta cagcgctgtg catctaataa acctc atg tgc ttg aag atc ctt 893
                        Met Cys Leu Lys Ile Leu
                        1                      5

gta agg tac aac act agg ggt aat act tat agc act gct tgg ctt tgt 941
Val Arg Tyr Asn Thr Arg Gly Asn Thr Tyr Ser Thr Ala Trp Leu Cys
                        10                      15                      20

gct cta gga aag gtt tta cct ttt cat aga tgg cac act atg gtt caa 989
Ala Leu Gly Lys Val Leu Pro Phe His Arg Trp His Thr Met Val Gln
                        25                      30                      35

aca tgc aca cct aat gtt act atc aac tgt caa gat cca gct ggt ggt 1037
Thr Cys Thr Pro Asn Val Thr Ile Asn Cys Gln Asp Pro Ala Gly Gly
                        40                      45                      50

gcg ctt ata gct agg tgt tgg tac ctt cat gaa ggt cac caa act gct 1085
Ala Leu Ile Ala Arg Cys Trp Tyr Leu His Glu Gly His Gln Thr Ala
                        55                      60                      65                      70

gca ttt aga gac gta ctt gtt gtt tta aat aaa cga aca aat 1127
Ala Phe Arg Asp Val Leu Val Val Leu Asn Lys Arg Thr Asn
                        75                      80

taaaatgtct gataatggac cccaatcaaa ccaacgtagt gccccccgca ttacatttgg 1187
tggaaccaca gattcaactg acaataacca gaatggagga cgca 1231

```

<210> 30<211> 84<212> PRT<213> CORONAVIRUS<400> 30

Met Cys Leu Lys Ile Leu Val Arg Tyr Asn Thr Arg Gly Asn Thr Tyr
1 5 10 15

Ser Thr Ala Trp Leu Cys Ala Leu Gly Lys Val Leu Pro Phe His Arg
20 25 30

Trp His Thr Met Val Gln Thr Cys Thr Pro Asn Val Thr Ile Asn Cys
35 40 45

S226CAS111.ST25

Gln Asp Pro Ala Gly Gly Ala Leu Ile Ala Arg Cys Trp Tyr Leu His
50 55 60

Glu Gly His Gln Thr Ala Ala Phe Arg Asp Val Leu Val Val Leu Asn
65 70 75 80

Lys Arg Thr Asn

```

<210> 31<211> 21221<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 31
atggagagcc ttgttcttgg tgtcaacgag aaaacacacg tccaactcag ttgcctgtc 60
cttcagggtta gagacgtgct agtgcgtggc ttcggggact ctgtggaaga ggccctatcg 120
gaggcacgtg aacacctcaa aaatggcact tgtggtctag tagagctgga aaaaggcgta 180
ctgccccagc ttgaacagcc ctatgtgttc attaaacgtt ctgatgcctt aagcaccaat 240
cacggccaca aggtcgttga gctggttgca gaaatggacg gcattcagta cggtcgtagc 300
gggtataacac tgggagtact cgtgccacat gtgggcgaaa cccaattgc ataccgcaat 360
gttcttcttc gtaagaacgg taataaggga gccggtggtc atagctatgg catcgatcta 420
aagtcttatg acttaggtga cgagcttggc actgatccca ttgaagatta tgaacaaaac 480
tggaacacta agcatggcag tgggtgcactc cgtgaactca ctcgtagact caatggaggt 540
gcagtcactc gctatgtcga caacaatttc tgtggcccag atgggtaccc tcttgattgc 600
atcaaagatt ttctcgcacg cgcgggcaag tcaatgtgca ctctttccga acaacttgat 660
tacatcgagt cgaagagagg tgtctactgc tgccgtgacc atgagcatga aattgcctgg 720
ttcactgagc gctctgataa gagctacgag caccagacac cttcgaat taagagtgcc 780
aagaaaattg acactttcaa aggggaatgc ccaaagtttg tgtttcctct taactcaaaa 840
gtcaaagtca ttcaaccacg tgttgaaaag aaaaagactg agggtttcat ggggcgtata 900
cgctctgtgt accctgttgc atctccacag gagtgtaaca atatgcactt gtctaccttg 960
atgaaatgta atcattgcga tgaagtttca tggcagacgt gcgactttct gaaagccact 1020
tgtgaacatt gtggcactga aaatttagtt attgaaggac ctactacatg tgggtaccta 1080
cctactaatg ctgtagtgaa aatgccatgt cctgcctgtc aagaccaga gattggacct 1140
gagcatagtg ttgcagatta tcacaaccac tcaaacattg aaactcgact ccgcaaggga 1200
ggtaggacta gatgttttgg aggctgtgtg tttgcctatg ttggctgcta taataagcgt 1260
gcctactggg ttcctcgtgc tagtgctgat attggctcag gccatactgg cattactggt 1320
gacaatgtgg agaccttgaa tgaggatctc cttgagatac tgagtcgtga acgtgttaac 1380
attaacattg ttggcgattt tcatttgaat gaagaggttg ccatcatttt ggcattcttc 1440
tctgtttcta caagtgcctt tattgacact ataaagagtc ttgattacaa gtctttcaaa 1500
accattgttg agtcctgcgg taactataaa gttaccaagg gaaagcccgt aaaagggtgt 1560
tggaacattg gacaacagag atcagtttta acaccactgt gtggttttcc ctcacaggct 1620

```

S226CAS111.ST25

gctggtgtta	tcagatcaat	ttttgcgcgc	acacttgatg	cagcaaacca	ctcaattcct	1680
gatttgcaaa	gagcagctgt	caccatactt	gatggtat	ctgaacagtc	attacgtctt	1740
gtcgacgcca	tggtttatac	ttcagacctg	ctcaccaaca	gtgtcattat	tatggcatat	1800
gtaactggtg	gtcttgtaca	acagacttct	cagtgggtgt	ctaattcttt	gggcactact	1860
gttgaaaaac	tcaggcctat	ctttgaatgg	attgaggcga	aacttagtgc	aggagttgaa	1920
tttctcaagg	atgcttggga	gattctcaaa	tttctcatta	caggtgtttt	tgacatcgtc	1980
aagggtcaaa	tacaggttgc	ttcagataac	atcaaggatt	gtgtaaaatg	cttcattgat	2040
gttgtaaca	aggcactcga	aatgtgcatt	gatcaagtca	ctatcgctgg	cgcaaagtgt	2100
cgatcactca	acttaggtga	agtcttcac	gctcaaagca	agggacttta	ccgtcagtgt	2160
atacgtggca	aggagcagct	gcaactactc	atgcctctta	aggcaccaaa	agaagtaacc	2220
tttcttgaag	gtgattcaca	tgacacagta	cttacctctg	aggaggttgt	tctcaagaac	2280
ggtgaactcg	aagcactcga	gacgcccggt	gatagcttca	caaattggagc	tatcgttggc	2340
acaccagtct	gtgtaaattg	cctcatgctc	ttagagatta	aggacaaaga	acaatactgc	2400
gcattgtctc	ctggtttact	ggctacaaac	aatgtctttc	gcttaaaagg	gggtgcacca	2460
attaaagggtg	taacctttgg	agaagatact	gtttgggaag	ttcaaggtta	caagaatgtg	2520
agaatcacat	ttgagcttga	tgaacgtggt	gacaaagtgc	ttaatgaaaa	gtgctctgtc	2580
tacactgttg	aatccggtac	cgaagttact	gagtttgcat	gtgtttagc	agaggctgtt	2640
gtgaagactt	tacaaccagt	ttctgatctc	cttaccaaca	tgggtattga	tcttgatgag	2700
tggagtgtag	ctacattcta	cttatttgat	gatgctgggtg	aagaaaactt	ttcatcacgt	2760
atgtattggt	cctttttacc	tccagatgag	gaagaagagg	acgatgcaga	gtgtgaggaa	2820
gaagaaattg	atgaaacctg	tgaacatgag	tacggtacag	aggatgatta	tcaaggctctc	2880
cctctggaat	ttggtgcctc	agctgaaaca	gttcgagttg	aggaagaaga	agaggaagac	2940
tggctggatg	atactactga	gcaatcagag	attgagccag	aaccagaacc	tacacctgaa	3000
gaaccagtta	atcagtttac	tggttattta	aaacttactg	acaatgttgc	cattaaatgt	3060
gttgacatcg	ttaaggaggc	acaaagtgt	aatcctatgg	tgattgtaaa	tgctgctaac	3120
atacacctga	aacatggtgg	tggtgtagca	ggtgcactca	acaaggcaac	caatggtgcc	3180
atgcaaaagg	agagtgatga	ttacattaag	ctaaatggcc	ctcttacagt	aggaggggtct	3240
tgtttgcttt	ctggacataa	tcttgctaag	aagtgtctgc	atgttggttg	acctaacctta	3300
aatgcagggtg	aggacatcca	gcttcttaag	gcagcatatg	aaaatttcaa	ttcacaggac	3360
atcttacttg	caccattggt	gtcagcaggc	atatttggtg	ctaaaccact	tcagtcttta	3420
caagtgtgcg	tgcagacggg	tcgtacacag	gtttatattg	cagtcaatga	caaagctctt	3480
tatgagcagg	ttgtcatgga	ttatcttgat	aacctgaagc	ctagagtgga	agcacctaaa	3540
caagaggagc	caccaaacac	agaagattcc	aaaactgagg	agaaatctgt	cgtacagaag	3600
cctgtcgaatg	tgaagccaaa	aattaaggcc	tgcattgatg	aggttaccac	aacactggaa	3660

S226CAS111.ST25

gaaactaagt	ttcttaccaa	taagttactc	ttgtttgctg	atatcaatgg	taagctttac	3720
catgattctc	agaacatgct	tagaggtgaa	gatatgtctt	tccttgagaa	ggatgcacct	3780
tacatggtag	gtgatgttat	cactagtggg	gatatcactt	gtgttgtaat	accctccaaa	3840
aaggctggtg	gcactactga	gatgctctca	agagctttga	agaaagtgcc	agttgatgag	3900
tatataacca	cgtaccctgg	acaaggatgt	gctgggtata	cacttgagga	agctaagact	3960
gctcttaaga	aatgcaaata	tgcattttat	gtactacctt	cagaagcacc	taatgctaag	4020
gaagagattc	taggaactgt	atcctggaat	ttgagagaaa	tgcttgctca	tgctgaagag	4080
acaagaaaat	taatgcctat	atgcatggat	gttagagcca	taatggcaac	catccaacgt	4140
aagtataaag	gaattaaaat	tcaagagggc	atcggtgact	atgggtgtccg	attcttcttt	4200
tatactagta	aagagcctgt	agcttctatt	attacgaagc	tgaactctct	aaatgagccg	4260
cttgtcacia	tgccaattgg	ttatgtgaca	catgggttta	atcttgaaga	ggctgcgcgc	4320
tgtatgcgtt	ctcttaaagc	tcctgccgta	gtgtcagtat	catcaccaga	tgctgttact	4380
acataaatg	gatacctcac	ttcgtcatca	aagacatctg	aggagcactt	tgtagaaaca	4440
gtttctttgg	ctggctctta	cagagattgg	tcctattcag	gacagcgtac	agagttaggt	4500
gttgaatttc	ttaagcgtgg	tgacaaaatt	gtgtaccaca	ctctggagag	ccccgtcgag	4560
tttcatcttg	acggtgaggt	tctttcactt	gacaaactaa	agagtctctt	atccctgcgg	4620
gaggttaaga	ctataaaagt	gttcacaact	gtggacaaca	ctaactctca	cacacagctt	4680
gtggatatgt	ctatgacata	tggaacagcag	tttgggtccaa	catacttgga	tggtgctgat	4740
gttacaiaaa	ttaaactctca	tgtaaatacat	gagggtaaga	ctttctttgt	actacctagt	4800
gatgacacac	tacgtagtga	agctttcgag	tactaccata	ctcttgatga	gagttttctt	4860
ggtaggtaca	tgtctgcttt	aaaccacaca	aagaaatgga	aatttcctca	agttggtggt	4920
ttaacttcaa	ttaaattggc	tgataacaat	tgttatttgt	ctagtgtttt	attagcactt	4980
caacagcttg	aagtcaaatt	caatgcacca	gcacttcaag	aggcttatta	tagagcccgt	5040
gctggtgatg	ctgctaactt	ttgtgcactc	atactcgctt	acagtaataa	aactgttggc	5100
gagcttggtg	atgtcagaga	aactatgacc	catcttctac	agcatgctaa	tttggaatct	5160
gcaaagcgag	ttcttaatgt	ggtgtgtaaa	cattgtggtc	agaaaactac	taccttaacg	5220
ggtgtagaag	ctgtgatgta	tatgggtact	ctatcttatg	ataatcttaa	gacaggtgtt	5280
tccattccat	gtgtgtgtgg	tcgtgatgct	acacaatatc	tagtacaaca	agagtcttct	5340
tttgttatga	tgtctgcacc	acctgctgag	tataaattac	agcaagggtac	attcttatgt	5400
gcgaatgagt	acactggtaa	ctatcagtgt	ggtcattaca	ctcatataac	tgctaaggag	5460
accctctatc	gtattgacgg	agctcacctt	acaaagatgt	cagagtacaa	aggaccagtg	5520
actgatgttt	tctacaagga	aacatcttac	actacaacca	tcaagcctgt	gtcgtataaa	5580
ctcgtatggg	ttacttacac	agagattgaa	ccaaaattgg	atgggtatta	taaaaaggat	5640
aatgcttact	atacagagca	gcctatagac	cttgtacca	ctcaaccatt	accaaagtgcg	5700

S226CAS111.ST25

agttttgata atttcaaact cacatgttct aacacaaaat ttgctgatga tttaaataca	5760
atgacaggct tcacaaagcc agcttcacga gagctatctg tcacattctt cccagacttg	5820
aatggcgatg tagtggctat tgactataga cactattcag cgagtttcaa gaaagggtgct	5880
aaattactgc ataagccaat tgtttggcac attaaccagg ctacaaccaa gacaacgttc	5940
aaaccaaaca cttggtgttt acgttgtctt tggagtacaa agccagtaga tacttcaa	6000
tcatttgaag ttctggcagt agaagacaca caaggaatgg acaatcttgc ttgtgaaagt	6060
caacaacca cctctgaaga agtagtgga aatcctacca tacagaagga agtcatagag	6120
tgtgacgtga aaactaccga agttgtaggc aatgtcatac ttaaaccatc agatgaaggt	6180
gttaaagtaa cacaagagtt aggtcatgag gatcttatgg ctgcttatgt ggaaaacaca	6240
agcattacca ttaagaaacc taatgagctt tcactagcct taggtttaaa aacaattgcc	6300
actcatggta ttgctgcaat taatagtgtt ccttggagta aaattttggc ttatgtcaaa	6360
ccattcttag gacaagcagc aattacaaca tcaaattgcg ctaagagatt agcacaacgt	6420
gtgtttaaca attatatgcc ttatgtgttt acattattgt tccaattgtg tacttttact	6480
aaaagtacca attctagaat tagagcttca ctacctaca ctattgctaa aaatagtgtt	6540
aagagtgttg ctaaattatg tttggatgcc ggcattaatt atgtgaagtc acccaaattt	6600
tctaaattgt tcacaatcgc tatgtggcta ttgttgtaa gtatttgctt aggttctcta	6660
atctgtgtaa ctgctgcttt tgggtgtact ttatctaatt ttggtgctcc ttcttattgt	6720
aatggcgta gagaattgta tcttaattcg tctaacgtta ctactatgga tttctgtgaa	6780
ggttcttttc cttgcagcat ttgtttaagt ggattagact cccttgattc ttatccagct	6840
cttgaaacca ttcaggtgac gatttcatcg tacaagctag acttgacaat tttaggtctg	6900
gccgctgagt gggttttggc atatatgttg ttcacaaaat tcttttattt attaggtctt	6960
tcagctataa tgcaggtgtt ctttggctat ttgctagtc atttcatcag caattcttgg	7020
ctcatgtggt ttatcattag tattgtacaa atggcacccg tttctgcaat ggtaggatg	7080
tacatcttct ttgcttctt ctactacata tggaagagct atgttcatat catggatggt	7140
tgcacctctt cgacttgcac gatgtgctat aagcgcaatc gtgccacacg cgttgagtgt	7200
acaactattg ttaatggcat gaagagatct ttctatgtct atgcaaattg aggccgtggc	7260
ttctgcaaga ctcacaattg gaattgtctc aattgtgaca cattttgcac tggtagtaca	7320
ttcattagtg atgaagttgc tcgtgatttg tcaactcagt taaaagacc aatcaaccct	7380
actgaccagt catcgtatat tgttgatagt gttgctgtga aaaatggcgc gcttcacctc	7440
tactttgaca aggctggtca aaagacctat gagagacatc cgctctcca tttgtcaat	7500
ttagacaatt tgagagctaa caacactaaa ggttcaactgc ctattaatgt catagttttt	7560
gatggcaagt ccaaattgcga cgagtctgct tctaagtctg cttctgtgta ctacagtcag	7620
ctgatgtgcc aacctattct gttgcttgac caagctcttg tatcagacgt tggagatagt	7680
actgaagttt ccgttaagat gtttgatgct tatgtcgaca ctttttcagc aacttttagt	7740

S226CAS111.ST25

gttcctatgg aaaaacttaa ggcacttggt gctacagctc acagcgagtt agcaaaggg	7800
gtagcttttag atggtgtcct ttctacattc gtgtcagctg cccgacaagg tgttggtgat	7860
accgatgttg acacaaagga tgttattgaa tgtctcaaac ttccacatca ctctgactta	7920
gaagtgcag gtgacagttg taacaatttc atgctcacct ataataaggt tgaaaacatg	7980
acgcccagag atcttggcgc atgtattgac tgtaatgcaa ggcatatcaa tgcccaagta	8040
gcaaaaagtc acaatgtttc actcatctgg aatgtaaaag actacatgtc tttatctgaa	8100
cagctgcgta aacaaattcg tagtgctgcc aagaagaaca acataccttt tagactaact	8160
tgtgctacaa ctagacaggt tgtcaatgtc ataactacta aaatctcact caaggggtgt	8220
aagattgtta gtacttgttt taaacttatg cttaaggcca cattattgtg cgttcttgct	8280
gcattgggtt gttatatcgt tatgccagta catacattgt caatccatga tggttacaca	8340
aatgaaatca ttggttacaa agccattcag gatgggtgtca ctctgtgacat catttctact	8400
gatgattgtt ttgcaaataa acatgctggg tttgacgcat gggttagcca gcgtgggtgg	8460
tcatacaaaa atgacaaaag ctgccctgta gtagctgcta tcattacaag agagattggg	8520
ttcatagtgc ctggcttacc ggggtactgt ctgagagcaa tcaatgggtga cttcttgcat	8580
tttctacctc gtgttttttag tgctgttggc aacatttgct acacaccttc caaactcatt	8640
gagtatagtg attttgctac ctctgcttgc gttcttgctg ctgagtgtac aatttttaag	8700
gatgctatgg gcaaacctgt gccatattgt tatgacacta atttgctaga gggttctatt	8760
tcttatagtg agcttcgtcc agacactcgt tatgtgctta tggatgggtc catcatacag	8820
tttcttaaca cttacctgga gggttctgtt agagtagtaa caacttttga tgctgagtac	8880
tgtagacatg gtacatgcga aaggtcagaa gtaggtattt gcctatctac cagtggtaga	8940
tgggttctta ataatgagca ttacagagct ctatcaggag ttttctgtgg tgttgatgcg	9000
atgaatctca tagctaacat ctttactcct cttgtgcaac ctgtgggtgc tttagatgtg	9060
tctgcttcag tagtggctgg tgggtattatt gccatattgg tgacttgtgc tgcctactac	9120
tttatgaaat tcagacgtgt ttttggtgag tacaaccatg ttgttgctgc taatgcactt	9180
ttgtttttga tgtctttcac tatactctgt ctggtaccag cttacagctt tctgccggga	9240
gtctactcag tcttttactt gtacttgaca ttctatttca ccaatgatgt ttcattcttg	9300
gctcaccttc aatggtttgc catgttttct cctattgtgc ctttttggat aacagcaatc	9360
tatgtattct gtatttctct gaagcactgc cattgggttct ttaacaacta tcttaggaaa	9420
agagtcatgt ttaatggagt tacatttagt accttcgagg aggctgcttt gtgtaccttt	9480
ttgctcaaca aggaaatgta cctaaaattg cgtagcgaga cactgttgcc acttacacag	9540
tataacaggt atcttgctct atataacaag tacaagtatt tcagtggagc cttagatact	9600
accagctatc gtgaagcagc ttgctgccac ttagcaaagg ctctaaatga ctttagcaac	9660
tcaggtgctg atgttctcta ccaaccacca cagacatcaa tcacttctgc tgttctgcag	9720
agtggtttta ggaaaatggc attcccgtca ggcaaagttg aaggggtgcat ggtacaagta	9780

S226CAS111.ST25

acctgtggaa ctacaactct taatggattg tggttggatg acacagtata ctgtccaaga 9840
 catgtcattt gcacagcaga agacatgctt aatcctaact atgaagatct gctcattcgc 9900
 aaatccaacc atagctttct tgttcaggct ggcaatgttc aacttcgtgt tattggccat 9960
 tctatgcaaa attgtctgct taggcttaaa gttgatactt ctaaccctaa gacaccaag 10020
 tataaatttg tccgtatcca acctgggtcaa acattttcag ttctagcatg ctacaatggt 10080
 tcaccatctg gtgtttatca gtgtgccatg agacctaatc ataccattaa aggttctttc 10140
 cttaatggat catgtggtag tgttggtttt aacattgatt atgattgctg gtctttctgc 10200
 tatatgcatc atatggagct tccaacagga gtacacgctg gtactgactt agaaggtaaa 10260
 ttctatggtc catttggtga cagacaaact gcacaggctg caggtagaca cacaaccata 10320
 acattaaatg ttttggcatg gctgtatgct gctgttatca atgggtgatag gtggtttctt 10380
 aatagattca cactactttt gaatgacttt aacctgtgtg caatgaagta caactatgaa 10440
 cctttgacac aagatcatgt tgacatattg ggacctcttt ctgctcaaac aggaattgcc 10500
 gtcttagata tgtgtgctgc tttgaaagag ctgctgcaga atgggtatgaa tggctgtact 10560
 atccttggtg gcactatttt agaagatgag ttacacacat ttgatgttgt tagacaatgc 10620
 tctggtggtt ccttccaagg taagttcaag aaaattgtta agggcactca tcattggatg 10680
 cttttaactt tcttgacatc actattgatt cttgttcaaa gtacacagtg gtcactgttt 10740
 ttctttgttt acgagaatgc tttcttgcca ttactcttg gtattatggc aattgctgca 10800
 tgtgctatgc tgcttggtta gcataagcac gcattcttgt gcttgtttct gttaccttct 10860
 cttgcaacag ttgcttactt taatatggct tacatgcctg ctagctgggt gatgcgtatc 10920
 atgacatggc ttgaattggc tgacactagc ttgtctggtt ataggcttaa ggattgtgtt 10980
 atgtatgctt cagctttagt tttgcttatt ctcatgacag ctgcactgt ttatgatgat 11040
 gctgctagac gtgtttggac actgatgaat gtcattacac ttgtttacaa agtctactat 11100
 ggtaatgctt tagatcaagc tatttccatg tgggccttag ttatttctgt aacctctaac 11160
 tattctggtg tcgttacgac tatcatgttt ttagctagag ctatagtgtt tgtgtgtgtt 11220
 gagtattacc cattgttatt tattactggc aacaccttac agtgtatcat gcttgtttat 11280
 tgtttcttag gctattgttg ctgctgctac tttggccttt tctgtttact caaccgttac 11340
 ttcaggctta ctcttggtgt ttatgactac ttggtctcta cacaagaatt taggtatatg 11400
 aactcccagg ggcttttgcc tcctaagagt agtattgatg ctttcaagct taacattaag 11460
 ttgttggtta ttggaggtaa accatgtatc aagggttgcta ctgtacagtc taaaatgtct 11520
 gacgtaaagt gcacatctgt ggtactgctc tcggttcttc aacaacttag agtagagtca 11580
 tcttctaaat tgtgggcaca atgtgtacaa ctccacaatg atattcttct tgcaaaagac 11640
 acaactgaag ctttcgagaa gatgggttct cttttgtctg ttttgctatc catgcagggt 11700
 gctgtagaca ttaatagggt gtgctgaggaa atgctcgata accgtgctac tcttcaggct 11760
 attgcttcag aatttagttc ttaccatca tatgccgctt atgccactgc ccaggaggcc 11820

S226CAS111.ST25

tatgagcagg	ctgtagctaa	tggtgattct	gaagtcgttc	tcaaaaagtt	aaagaaatct	11880
ttgaatgtgg	ctaaatctga	gtttgaccgt	gatgctgcca	tgcaacgcaa	gttggaaaag	11940
atggcagatc	aggctatgac	ccaaatgtac	aaacaggcaa	gatctgagga	caagagggca	12000
aaagtaacta	gtgctatgca	aacaatgctc	ttcactatgc	ttaggaagct	tgataatgat	12060
gcacttaaca	acattatcaa	caatgcgcgt	gatggttgtg	ttccactcaa	catcatacca	12120
ttgactacag	cagccaaact	catggttgtt	gtccctgatt	atggtaccta	caagaacact	12180
tgtgatggta	acacctttac	atatgcatct	gcactctggg	aatccagca	agttgttgat	12240
gcggatagca	agattgttca	acttagtgaa	attaacatgg	acaattcacc	aaatttggtc	12300
tggcctctta	ttgttacagc	tctaagagcc	aactcagctg	ttaaactaca	gaataatgaa	12360
ctgagtccag	tagcactacg	acagatgtcc	tgtgcggctg	gtaccacaca	aacagcttgt	12420
actgatgaca	atgcacttgc	ctactataac	aattcgaagg	gaggtagggt	tgtgctggca	12480
ttactatcag	accaccaaga	tctcaaattg	gctagattcc	ctaagagtga	tggtacaggt	12540
acaattttaca	cagaactgga	accaccttgt	aggtttgtta	cagacacacc	aaaagggcct	12600
aaagtgaat	acttgtactt	catcaaaggc	ttaaacaacc	taaatagagg	tatggtgctg	12660
ggcagtttag	ctgctacagt	acgtcttcag	gctggaaatg	ctacagaagt	acctgccaat	12720
tcaactgtgc	tttccttctg	tgcttttgca	gtagaccctg	ctaaagcata	taaggattac	12780
ctagcaagtg	gaggacaacc	aatcaccaac	tgtgtgaaga	tgttgtgtac	acacactggt	12840
acaggacagg	caattactgt	aacaccagaa	gctaacatgg	accaagagtc	ctttggtggt	12900
gcttcagtgt	gtctgtattg	tagatgccac	attgaccatc	caaatectaa	aggattctgt	12960
gacttgaaa	gtaagtacgt	ccaaatacct	accacttgtg	ctaattgacc	agtgggtttt	13020
acacttagaa	acacagtctg	taccgtctgc	ggaatgtgga	aagggttatgg	ctgtagttgt	13080
gaccaactcc	gcgaaccctt	gatgcagtct	gcggatgcat	caacgttttt	aaacgggttt	13140
gcgggtgta	tgagagccgt	cttacaccgt	gcggcacagg	cactagtact	gatgtcgtct	13200
acagggcctt	tgataatttac	aacgaaaaag	ttgctgggtt	tgcaaagttc	ctaaaaacta	13260
attgctgtcg	cttccaggag	aaggatgagg	aaggcaattt	attagactct	tactttgtag	13320
ttaagaggca	tactatgtct	aactaccaac	atgaagagac	tatttataac	ttgggttaaag	13380
attgtccagc	ggttgctgtc	catgactttt	tcaagttagg	agtagatggg	gacatggtac	13440
cacatatatc	acgtcagcgt	ctaactaaat	acacaatggc	tgatttagtc	tatgctctac	13500
gtcattttga	tgagggtaat	tgtgatacat	taaaagaaat	actcgtcaca	tacaattgct	13560
gtgatgatga	ttattttcaat	aagaaggatt	ggatagactt	cgtagagaat	cctgacatct	13620
tacgcgtata	tgctaactta	ggtgagcgtg	tacgccaatc	attattaaag	actgtacaat	13680
tctgcgatgc	tatgcgtgat	gcaggcattg	taggcgtact	gacattagat	aatcaggatc	13740
ttaatgggaa	ctggtacgat	ttcgggtgatt	tcgtacaagt	agcaccaggc	tgcgaggttc	13800
ctattgtgga	ttcatattac	tcattgctga	tgccatcctt	cactttgact	agggcattgg	13860

S226CAS111.ST25

ctgctgagtc ccatatggat gctgatctcg caaaaccact tattaagtgg gatttgctga 13920
 aatatgattt tacggaagag agactttgtc tcttcgaccg ttatttttaa tattgggacc 13980
 agacatacca tcccaattgt attaactgtt tggatgatag gtgtatcctt cattgtgcaa 14040
 actttaatgt gttattttct actgtgtttc cacctacaag ttttggacca ctagtaagaa 14100
 aaatatttgt agatgggtgt ccttttgttg tttcaactgg ataccatttt cgtgagttag 14160
 gagtcgtaca taatcaggat gtaaacttac atagctcgcg tctcagtttc aaggaacttt 14220
 tagtgtatgc tgctgatcca gctatgcatg cagcttctgg caatttattg ctagataaac 14280
 gcactacatg cttttcagta gctgcactaa caacaatgt tgcttttcaa actgtcaaac 14340
 ccggaattt taataaagac ttttatgact ttgctgtgtc taaaggtttc ttttaaggaag 14400
 gaagtctgt tgaactaaaa cacttcttct ttgctcagga tggcaacgct gctatcagtg 14460
 attatgacta ttatcgttat aatctgccaa caatgtgtga tatcagacaa ctcctattcg 14520
 tagttgaagt tgttgataaa tactttgatt gttacgatgg tggctgtatt aatgccaaac 14580
 aagtaatcgt taacaatctg gataaatcag ctggtttccc atttaataaa tggggtaagg 14640
 ctagacttta ttatgactca atgagttatg aggatcaaga tgcacttttc gcgtatacta 14700
 agcgtaatgt catccctact ataactcaaa tgaatcttaa gtatgccatt agtgcaaaga 14760
 atagagctcg caccgtagct ggtgtctcta tctgtagtac tatgacaaat agacagtttc 14820
 atcagaaatt attgaagtca atagccgcc a tagaggagc tactgtggta attggaacaa 14880
 gcaagtttta cggtggctgg cataatatgt taaaaactgt ttacagtgat gtagaaactc 14940
 cacaccttat gggttgggat tatccaaaat gtgacagagc catgcctaac atgcttagga 15000
 taatggcctc tcttgttctt gctcgaaac ataacacttg ctgtaactta tcacaccgtt 15060
 tctacagggt agctaacgag tgtgcgcaag tattaagtga gatgggtcatg tgtggcggct 15120
 cactatatgt taaaccaggt ggaacatcat ccggtgatgc tacaactgct tatgctaata 15180
 gtgtctttaa catttgtcaa gctgttacag ccaatgtaa tgcacttctt tcaactgatg 15240
 gtaataagat agctgacaag tatgtccgca atctacaaca caggctctat gagtgtctct 15300
 atagaaatag ggatgttgat catgaattcg tggatgagtt ttacgcttac ctgcgtaaac 15360
 atttctccat gatgattctt tctgatgatg ccgttgtgtg ctataacagt aactatgcgg 15420
 ctcaagggtt agtagctagc attaagaact ttaaggcagt tctttattat caaaataatg 15480
 tgttcatgtc tgaggcaaaa tgttgactg agactgacct tactaaagga cctcacgaat 15540
 tttgctcaca gcatacaatg ctagttaaac aaggagatga ttacgtgtac ctgccttacc 15600
 cagatccatc aagaatatta ggcgcaggct gttttgtcga tgatattgtc aaaacagatg 15660
 gtacacttat gattgaaagg ttcgtgtcac tggctattga tgcttacc ca cttacaaaac 15720
 atcctaataca ggagtatgct gatgtctttc acttgatttt acaatacatt agaaagtac 15780
 atgatgagct tactggccac atgttggaca tgtattccgt aatgctaact aatgataaca 15840
 cctcacggta ctgggaacct gagttttatg aggctatgta cacaccacat acagtcttgc 15900

S226CAS111.ST25

aggctgtagg tgcttgtaga ttgtgcaatt cacagacttc acttcgttgc ggtgcctgta 15960
 ttaggagacc attcctatgt tgcaagtgt gctatgacca tgtcatttca acatcacaca 16020
 aattagtgtt gtctgttaat ccctatgttt gcaatgcccc aggttgatgat gtcactgatg 16080
 tgacacaact gtatctagga ggtatgagct attattgcaa gtcacataag cctccatta 16140
 gttttccatt atgtgctaatt ggtcagggtt ttggtttata caaaaacaca tgtgtaggca 16200
 gtgacaatgt cactgacttc aatgcgatag caacatgtga ttggactaat gctggcgatt 16260
 acatacttgc caacacttgt actgagagac tcaagctttt cgcagcagaa acgctcaaag 16320
 ccactgagga aacatttaag ctgtcatatg gtattgccac tgtacgcgaa gtactctctg 16380
 acagagaatt gcatctttca tgggaggttg gaaaacctag accaccattg aacagaaact 16440
 atgtctttac tgggtaccgt gtaactaaaa atagtaaagt acagattgga gagtacacct 16500
 ttgaaaaagg tgactatggt gatgctgttg tgtacagagg tactacgaca tacaagttga 16560
 atgttggtga ttactttgtg ttgacatctc acactgtaat gccacttagt gcacctactc 16620
 tagtgccaca agagcactat gtgagaatta ctggcttgta cccaacactc aacatctcag 16680
 atgagttttc tagcaatggt gcaaattatc aaaaggctcg catgcaaaag tactctacac 16740
 tccaaggacc acctggtact ggtaagagtc attttgccat cggacttgct ctctattacc 16800
 catctgctcg catagtgtat acggcatgct ctcatgcagc tgttgatgcc ctatgtgaaa 16860
 aggcattaaa atatttgccc atagataaat gtagtagaat catactgcg cgtgcgcgcg 16920
 tagagtgttt tgataaattc aaagtgaatt caacactaga acagtatgtt ttctgcactg 16980
 taaatgcatt gccagaaaca actgctgaca ttgtagtctt tgatgaaatc tctatggcta 17040
 ctaattatga cttgagtgtt gtcaatgcta gacttcgtgc aaaacactac gtctatattg 17100
 gcgatcctgc tcaattacca gcccccgca cattgctgac taaaggcaca ctagaaccag 17160
 aatattttta ttcagtgtgc agacttatga aaacaatagg tccagacatg ttccttggaa 17220
 cttgtcgcgg ttgtcctgct gaaattgttg acactgtgag tgcttttagt tatgacaata 17280
 agctaaaagc acacaaggat aagtcagctc aatgcttcaa aatgttctac aaagggtgta 17340
 ttacacatga tgtttcatct gcaatcaaca gacctcaaat aggcgttgta agagaatttc 17400
 ttacacgcaa tcctgcttgg agaaaagctg tttttatctc accttataat tcacagaacg 17460
 ctgtagcttc aaaaatctta ggattgccta cgcagactgt tgattcatca cagggttctg 17520
 aatatgacta tgtcatattc acacaaacta ctgaaacagc acactcttgt aatgtcaacc 17580
 gcttcaatgt ggctatcaca agggcaaaaa ttggcatttt gtgcataatg tctgatagag 17640
 atctttatga caaactgcaa ttacaagtc tagaaatacc acgtcgcaat gtggctacat 17700
 tacaagcaga aaatgtaact ggacttttta aggactgtag taagatcatt actggtcttc 17760
 atcctacaca ggcacctaca cacctcagcg ttgatataaa gttcaagact gaaggattat 17820
 gtgttgacat accaggcata ccaaaggaca tgacctaccg tagactcatc tctatgatgg 17880
 gtttcaaaat gaattaccaa gtcaatgggt accctaatat gtttatcacc cgcgaagaag 17940

S226CAS111.ST25

ctattcgtca cgttcgtgcg tggattggct ttgatgtaga gggctgtcat gcaactagag 18000
 atgctgtggg tactaaccta cctctccagc taggattttc tacagggtgtt aacttagtag 18060
 ctgtaccgac tggttatgtt gacactgaaa ataacacaga attcaccaga gttaatgcaa 18120
 aacctccacc aggtgaccag tttaaaccatc ttataccact catgtataaa ggcttgccct 18180
 ggaatgtagt gcgtattaag atagtacaaa tgctcagtga tacactgaaa ggattgtcag 18240
 acagagtcgt gttcgtcctt tgggcgcatg gctttgagct tacatcaatg aagtactttg 18300
 tcaagattgg acctgaaaga acgtgttgtc tgtgtgacaa acgtgcaact tgcttttcta 18360
 cttcatcaga tacttatgcc tgctggaatc attctgtggg ttttgactat gtctataacc 18420
 catttatgat tgatgttcag cagtggggct ttacgggtaa ccttcagagt aaccatgacc 18480
 aacattgcca ggtacatgga aatgcacatg tggctagtgtg tgatgctatc atgactagat 18540
 gtttagcagt ccatgagtgc tttgttaagc gcgttgattg gtctgttgaa taccctatta 18600
 taggagatga actgaggggtt aattctgctt gcagaaaagt acaacacatg gttgtgaagt 18660
 ctgcattgct tgctgataag tttccagttc ttcatgacat tggaaatcca aaggctatca 18720
 agtgtgtgcc tcaggctgaa gtagaatgga agttctacga tgctcagcca tgtagtgaca 18780
 aagcttaca aatagaggaa ctcttctatt cttatgctac acatcacgat aaattcactg 18840
 atggtgtttg tttgttttgg aattgtaacg ttgatcgta cccagccaat gcaattgtgt 18900
 gtaggtttga cacaagagtc ttgtcaaact tgaacttacc aggctgtgat ggtggtagtt 18960
 tgtatgtgaa taagcatgca ttccacactc cagctttcga taaaagtgca tttactaatt 19020
 taaagcaatt gcctttcttt tactattctg atagtccttg tgagtctcat ggcaaacaag 19080
 tagtgtcgga tattgattat gttccactca aatctgctac gtgtattaca cgatgcaatt 19140
 taggtggtgc tgtttgaga caccatgcaa atgagtaccg acagtacttg gatgcatata 19200
 atatgatgat ttctgctgga tttagcctat ggatttaca acaatttgat acttataacc 19260
 tgtggaatac atttaccagg ttacagagtt tagaaaatgt ggcttataat gttgttaata 19320
 aaggacactt tgatggacac gccggcgaag cacctgtttc catcattaat aatgctgttt 19380
 acacaaaggat agatggtatt gatgtggaga tctttgaaaa taagacaaca cttcctgtta 19440
 atgttgcat ttagcttttg gctaagcgta acattaaacc agtgccagag attaagatac 19500
 tcaataattt ggggtgttgat atcgtgcta atactgtaat ctgggactac aaaagagaag 19560
 cccagcaca tgtatctaca ataggtgtct gcacaatgac tgacattgcc aagaaaccta 19620
 ctgagagtgc ttgttcttca cttactgtct tgtttgatgg tagagtggaa ggacaggtag 19680
 accttttttag aaacgcccgt aatggtgttt taataacaga aggttcagtc aaaggtctaa 19740
 caccttcaaa gggaccagca caagctagcg tcaatggagt cacattaatt ggagaatcag 19800
 taaaaacaca gtttaactac tttaagaaag tagacggcat tattcaacag tgcctgaaa 19860
 cctactttac tcagagcaga gacttagagg attttaagcc cagatcaca atggaaactg 19920
 actttctcga gctcgtatg gatgaattca tacagcgata taagctcgag ggctatgcct 19980

S226CAS111.ST25

tcgaacacat cgtttatgga gatttcagtc atggacaact tggcgggtctt catttaatga 20040
 taggcttagc caagcgtca caagattcac cacttaaatt agaggatttt atccctatgg 20100
 acagcacagt gaaaaattac ttcataacag atgcgcaaac aggttcatca aaatgtgtgt 20160
 gttctgtgat tgatctttta cttgatgact ttgtcgagat aataaagtca caagatttgt 20220
 cagtgtttc aaaagtgggc aagggttaca ttgactatgc tgaaatttca ttcattgcttt 20280
 ggtgtaagga tggacatggt gaaaccttct acccaaaact acaagcaagt caagcgtggc 20340
 aaccaggtgt tgcgatgcct aacttgtaaca agatgcaaag aatgcttctt gaaaagtgtg 20400
 accttcagaa ttatggtgaa aatgctgtta taccaaaagg aataatgatg aatgtcgcaa 20460
 agtatactca actgtgtcaa tacttaata cacttacttt agctgtaccc tacaacatga 20520
 gagttattca ctttggtgct ggctctgata aaggagtgc accaggtaca gctgtgctca 20580
 gacaatggtt gccaaactggc aactacttg tcgattcaga tcttaatgac ttcgtctccg 20640
 acgcagattc tactttaatt ggagactgtg caacagtaca tacggctaataaatgggacc 20700
 ttattattag cgatatgtat gaccctagga ccaaacatgt gacaaaagag aatgactcta 20760
 aagaagggtt ttctacttat ctgtgtggat ttataaagca aaaactagcc ctgggtggtt 20820
 ctatagctgt aaagataaca gagcattctt ggaatgctga cttttacaag cttatgggcc 20880
 atttctcatg gtggacagct tttgttaca atgtaaatgc atcatcatcg gaagcatttt 20940
 taattggggc taactatctt ggcaagccga aggaacaaat tgatggctat accatgcatg 21000
 ctaactacat tttctggagg aacacaaatc ctatccagtt gtcttcctat tcaactcttg 21060
 acatgagcaa atttctctt aaattaagag gaactgctgt aatgtctctt aaggagaatc 21120
 aaatcaatga tatgatttat tctcttctgg aaaaaggtag gcttatcatt agagaaaaca 21180
 acagagttgt ggtttcaagt gatattcttg ttaacaacta a 21221

<210> 32<211> 297<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 32
 atggaccca atcaaacca cgtagtgccc cccgcattac atttggtgga cccacagatt 60
 caactgacaa taaccagaat ggaggacgca atggggcaag gccaaaacag cgccgacccc 120
 aaggtttacc caataatact gcgtcttggt tcacagctct cactcagcat ggcaaggagg 180
 aacttagatt ccctcgaggc cagggcggtc caatcaacac caatagtggg ccagatgacc 240
 aaattggcta ctaccgaaga gctacccgac gagttcgtgg tggtagcggc aaaatga 297

<210> 33<211> 98<212> PRT<213> CORONAVIRUS<400> 33
 Met Asp Pro Asn Gln Thr Asn Val Val Pro Pro Ala Leu His Leu Val
 1 5 10 15
 Asp Pro Gln Ile Gln Leu Thr Ile Thr Arg Met Glu Asp Ala Met Gly
 20 25 30

Gln Gly Gln Asn Ser Ala Asp Pro Lys Val Tyr Pro Ile Ile Leu Arg
 35 40 45

S226CAS111.ST25

Leu Gly Ser Gln Leu Ser Leu Ser Met Ala Arg Arg Asn Leu Asp Ser
50 55 60

Leu Glu Ala Arg Ala Phe Gln Ser Thr Pro Ile Val Val Gln Met Thr
65 70 75 80

Lys Leu Ala Thr Thr Glu Glu Leu Pro Asp Glu Phe Val Val Val Thr
85 90 95

Ala Lys

<210> 34<211> 213<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 34
atgctgccac cgtgctacaa cttcctcaag gaacaacatt gccaaaaggc ttctacgcag 60
aggggaagcag aggcggcagt caagcctctt ctcgctcctc atcacgtagt cgcggtaatt 120
caagaaattc aactcctggc agcagtaggg gaaattctcc tgctcgaatg gctagcggag 180
gtggtgaaac tgccctcgcg ctattgctgc tag 213

<210> 35<211> 70<212> PRT<213> CORONAVIRUS<400> 35
Met Leu Pro Pro Cys Tyr Asn Phe Leu Lys Glu Gln His Cys Gln Lys
1 5 10 15

Ala Ser Thr Gln Arg Glu Ala Glu Ala Ala Val Lys Pro Leu Leu Ala
20 25 30

Pro His His Val Val Ala Val Ile Gln Glu Ile Gln Leu Leu Ala Ala
35 40 45

Val Gly Glu Ile Leu Leu Leu Glu Trp Leu Ala Glu Val Val Lys Leu
50 55 60

Pro Ser Arg Tyr Cys Cys
65 70

<210> 36<211> 1377<212> DNA<213> CORONAVIRUS<220><221> CDS<222>
(67)..(1335)<223>

<400> 36
atgaagggtca ccaaactgct gcatttagag acgtacttgt tgttttaaat aaacgaacaa 60

attaaa atg tct gat aat gga ccc caa tca aac caa cgt agt gcc ccc 108
Met Ser Asp Asn Gly Pro Gln Ser Asn Gln Arg Ser Ala Pro
1 5 10

cgc att aca ttt ggt gga ccc aca gat tca act gac aat aac cag aat 156
Arg Ile Thr Phe Gly Gly Pro Thr Asp Ser Thr Asp Asn Asn Gln Asn
15 20 25 30

gga gga cgc aat ggg gca agg cca aaa cag cgc cga ccc caa ggt tta 204
Gly Gly Arg Asn Gly Ala Arg Pro Lys Gln Arg Arg Pro Gln Gly Leu
35 40 45

S226CAS111.ST25																	
ccc	aat	aat	act	gcg	tct	tgg	ttc	aca	gct	ctc	act	cag	cat	ggc	aag		252
Pro	Asn	Asn	Thr	Ala	Ser	Trp	Phe	Thr	Ala	Leu	Thr	Gln	His	Gly	Lys		
			50					55					60				
gag	gaa	ctt	aga	ttc	cct	cga	ggc	cag	ggc	gtt	cca	atc	aac	acc	aat		300
Glu	Glu	Leu	Arg	Phe	Pro	Arg	Gly	Gln	Gly	Val	Pro	Ile	Asn	Thr	Asn		
		65					70					75					
agt	ggt	cca	gat	gac	caa	att	ggc	tac	tac	cga	aga	gct	acc	cga	cga		348
Ser	Gly	Pro	Asp	Asp	Gln	Ile	Gly	Tyr	Tyr	Arg	Arg	Ala	Thr	Arg	Arg		
	80					85					90						
gtt	cgt	ggt	ggt	gac	ggc	aaa	atg	aaa	gag	ctc	agc	ccc	aga	tgg	tac		396
Val	Arg	Gly	Gly	Asp	Gly	Lys	Met	Lys	Glu	Leu	Ser	Pro	Arg	Trp	Tyr		
	95				100					105					110		
ttc	tat	tac	cta	gga	act	ggc	cca	gaa	gct	tca	ctt	ccc	tac	ggc	gct		444
Phe	Tyr	Tyr	Leu	Gly	Thr	Gly	Pro	Glu	Ala	Ser	Leu	Pro	Tyr	Gly	Ala		
				115					120					125			
aac	aaa	gaa	ggc	atc	gta	tgg	gtt	gca	act	gag	gga	gcc	ttg	aat	aca		492
Asn	Lys	Glu	Gly	Ile	Val	Trp	Val	Ala	Thr	Glu	Gly	Ala	Leu	Asn	Thr		
			130					135					140				
ccc	aaa	gac	cac	att	ggc	acc	cgc	aat	cct	aat	aac	aat	gct	gcc	acc		540
Pro	Lys	Asp	His	Ile	Gly	Thr	Arg	Asn	Pro	Asn	Asn	Asn	Ala	Ala	Thr		
		145					150					155					
gtg	cta	caa	ctt	cct	caa	gga	aca	aca	ttg	cca	aaa	ggc	ttc	tac	gca		588
Val	Leu	Gln	Leu	Pro	Gln	Gly	Thr	Thr	Leu	Pro	Lys	Gly	Phe	Tyr	Ala		
	160					165					170						
gag	gga	agc	aga	ggc	ggc	agt	caa	gcc	tct	tct	cgc	tcc	tca	tca	cgt		636
Glu	Gly	Ser	Arg	Gly	Gly	Ser	Gln	Ala	Ser	Ser	Arg	Ser	Ser	Ser	Arg		
	175				180				185						190		
agt	cgc	ggt	aat	tca	aga	aat	tca	act	cct	ggc	agc	agt	agg	gga	aat		684
Ser	Arg	Gly	Asn	Ser	Arg	Asn	Ser	Thr	Pro	Gly	Ser	Ser	Arg	Gly	Asn		
				195					200					205			
tct	cct	gct	cga	atg	gct	agc	gga	ggc	ggc	gaa	act	gcc	ctc	gcg	cta		732
Ser	Pro	Ala	Arg	Met	Ala	Ser	Gly	Gly	Gly	Glu	Thr	Ala	Leu	Ala	Leu		
			210					215					220				
ttg	ctg	cta	gac	aga	ttg	aac	cag	ctt	gag	agc	aaa	gtt	tct	ggt	aaa		780
Leu	Leu	Leu	Asp	Arg	Leu	Asn	Gln	Leu	Glu	Ser	Lys	Val	Ser	Gly	Lys		
		225					230					235					
ggc	caa	caa	caa	caa	ggc	caa	act	gtc	act	aag	aaa	tct	gct	gct	gag		828
Gly	Gln	Gln	Gln	Gln	Gly	Gln	Thr	Val	Thr	Lys	Lys	Ser	Ala	Ala	Glu		
	240					245					250						
gca	tct	aaa	aag	cct	cgc	caa	aaa	cgt	act	gcc	aca	aaa	cag	tac	aac		876
Ala	Ser	Lys	Lys	Pro	Arg	Gln	Lys	Arg	Thr	Ala	Thr	Lys	Gln	Tyr	Asn		
	255				260					265					270		
gtc	act	caa	gca	ttt	ggg	aga	cgt	ggc	cca	gaa	caa	acc	caa	gga	aat		924
Val	Thr	Gln	Ala	Phe	Gly	Arg	Arg	Gly	Pro	Glu	Gln	Thr	Gln	Gly	Asn		
				275					280					285			
ttc	ggg	gac	caa	gac	cta	atc	aga	caa	gga	act	gat	tac	aaa	cat	tgg		972
Phe	Gly	Asp	Gln	Asp	Leu	Ile	Arg	Gln	Gly	Thr	Asp	Tyr	Lys	His	Trp		
			290					295					300				
ccg	caa	att	gca	caa	ttt	gct	cca	agt	gcc	tct	gca	ttc	ttt	gga	atg		1020
Pro	Gln	Ile	Ala	Gln	Phe	Ala	Pro	Ser	Ala	Ser	Ala	Phe	Phe	Gly	Met		
		305					310					315					

S226CAS111.ST25

tca cgc att ggc atg gaa gtc aca cct tcg gga aca tgg ctg act tat	1068
Ser Arg Ile Gly Met Glu Val Thr Pro Ser Gly Thr Trp Leu Thr Tyr	
320 325 330	
cat gga gcc att aaa ttg gat gac aaa gat cca caa ttc aaa gac aac	1116
His Gly Ala Ile Lys Leu Asp Asp Lys Asp Pro Gln Phe Lys Asp Asn	
335 340 345 350	
gtc ata ctg ctg aac aag cac att gac gca tac aaa aca ttc cca cca	1164
Val Ile Leu Leu Asn Lys His Ile Asp Ala Tyr Lys Thr Phe Pro Pro	
355 360 365	
aca gag cct aaa aag gac aaa aag aaa aag act gat gaa gct cag cct	1212
Thr Glu Pro Lys Lys Asp Lys Lys Lys Lys Thr Asp Glu Ala Gln Pro	
370 375 380	
ttg ccg cag aga caa aag aag cag ccc act gtg act ctt ctt cct gcg	1260
Leu Pro Gln Arg Gln Lys Lys Gln Pro Thr Val Thr Leu Leu Pro Ala	
385 390 395	
gct gac atg gat gat ttc tcc aga caa ctt caa aat tcc atg agt gga	1308
Ala Asp Met Asp Asp Phe Ser Arg Gln Leu Gln Asn Ser Met Ser Gly	
400 405 410	
gct tct gct gat tca act cag gca taa acactcatga tgaccacaca	1355
Ala Ser Ala Asp Ser Thr Gln Ala	
415 420	
aggcagatgg gctatgtaaa cg	1377
<210> 37<211> 422<212> PRT<213> CORONAVIRUS<400> 37	
Met Ser Asp Asn Gly Pro Gln Ser Asn Gln Arg Ser Ala Pro Arg Ile	
1 5 10 15	
Thr Phe Gly Gly Pro Thr Asp Ser Thr Asp Asn Asn Gln Asn Gly Gly	
20 25 30	
Arg Asn Gly Ala Arg Pro Lys Gln Arg Arg Pro Gln Gly Leu Pro Asn	
35 40 45	
Asn Thr Ala Ser Trp Phe Thr Ala Leu Thr Gln His Gly Lys Glu Glu	
50 55 60	
Leu Arg Phe Pro Arg Gly Gln Gly Val Pro Ile Asn Thr Asn Ser Gly	
65 70 75 80	
Pro Asp Asp Gln Ile Gly Tyr Tyr Arg Arg Ala Thr Arg Arg Val Arg	
85 90 95	
Gly Gly Asp Gly Lys Met Lys Glu Leu Ser Pro Arg Trp Tyr Phe Tyr	
100 105 110	
Tyr Leu Gly Thr Gly Pro Glu Ala Ser Leu Pro Tyr Gly Ala Asn Lys	
115 120 125	
Glu Gly Ile Val Trp Val Ala Thr Glu Gly Ala Leu Asn Thr Pro Lys	
130 135 140	

S226CAS111.ST25

Asp His Ile Gly Thr Arg Asn Pro Asn Asn Asn Ala Ala Thr Val Leu
 145 150 155 160
 Gln Leu Pro Gln Gly Thr Thr Leu Pro Lys Gly Phe Tyr Ala Glu Gly
 165 170 175
 Ser Arg Gly Gly Ser Gln Ala Ser Ser Arg Ser Ser Ser Arg Ser Arg
 180 185 190
 Gly Asn Ser Arg Asn Ser Thr Pro Gly Ser Ser Arg Gly Asn Ser Pro
 195 200 205
 Ala Arg Met Ala Ser Gly Gly Gly Glu Thr Ala Leu Ala Leu Leu Leu
 210 215 220
 Leu Asp Arg Leu Asn Gln Leu Glu Ser Lys Val Ser Gly Lys Gly Gln
 225 230 235 240
 Gln Gln Gln Gly Gln Thr Val Thr Lys Lys Ser Ala Ala Glu Ala Ser
 245 250 255
 Lys Lys Pro Arg Gln Lys Arg Thr Ala Thr Lys Gln Tyr Asn Val Thr
 260 265 270
 Gln Ala Phe Gly Arg Arg Gly Pro Glu Gln Thr Gln Gly Asn Phe Gly
 275 280 285
 Asp Gln Asp Leu Ile Arg Gln Gly Thr Asp Tyr Lys His Trp Pro Gln
 290 295 300
 Ile Ala Gln Phe Ala Pro Ser Ala Ser Ala Phe Phe Gly Met Ser Arg
 305 310 315 320
 Ile Gly Met Glu Val Thr Pro Ser Gly Thr Trp Leu Thr Tyr His Gly
 325 330 335
 Ala Ile Lys Leu Asp Asp Lys Asp Pro Gln Phe Lys Asp Asn Val Ile
 340 345 350
 Leu Leu Asn Lys His Ile Asp Ala Tyr Lys Thr Phe Pro Pro Thr Glu
 355 360 365
 Pro Lys Lys Asp Lys Lys Lys Lys Thr Asp Glu Ala Gln Pro Leu Pro
 370 375 380
 Gln Arg Gln Lys Lys Gln Pro Thr Val Thr Leu Leu Pro Ala Ala Asp
 385 390 395 400
 Met Asp Asp Phe Ser Arg Gln Leu Gln Asn Ser Met Ser Gly Ala Ser
 405 410 415

S226CAS111.ST25

Ala Asp Ser Thr Gln Ala
420

```
<210> 38<211> 1377<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 38
atgaagggtca ccaaactgct gcatttagag acgtacttgt tgttttaaat aaacgaacaa      60
attaaaaatgt ctgataatgg accccaatca aaccaacgta gtgccccccg cattacattt      120
ggtggacca cagattcaac tgacaataac cagaatggag gacgcaatgg ggcaaggcca      180
aaacagcgcc gacccaagg tttacccaat aatactgcgt cttgggtcac agctctcact      240
cagcatggca aggaggaact tagattccct cgaggccagg gcgttccaat caacaccaat      300
agtgggtccag atgaccaaat tggctactac cgaagagcta cccgacgagt tcgtggtggt      360
gacggcaaaa tgaaagagct cagccccaga tggactttct attacctagg aactggccca      420
gaagcttcac ttccctacgg cgctaacaaa gaaggcatcg tatgggttgc aactgagggga      480
gccttgaata caccacaaga ccacattggc acccgcaatc ctaataacaa tgctgccacc      540
gtgctacaac ttcctcaagg aacaacattg ccaaaaggct tctacgcaga gggaagcaga      600
ggcggcagtc aagcctcttc tcgctcctca tcacgtagtc gcggtaattc aagaaattca      660
actcctggca gcagtagggg aaattctcct gctcgaatgg ctagcggagg tggtgaaact      720
gccctcgcg ctttgcgtgct agacagattg aaccagcttg agagcaaagt ttctggtaaa      780
ggccaacaac aacaaggcca aactgtcact aagaaatctg ctgctgaggc atctaaaaag      840
cctcgccaaa aacgtactgc cacaaaacag tacaacgtca ctcaagcatt tgggagacgt      900
ggtccagaac aaacccaagg aaatttcggg gaccaagacc taatcagaca aggaactgat      960
tacaacatt ggccgcaa at tgcacaattt gctccaagt cctctgcatt ctttggaatg     1020
tcacgcattg gcatggaagt cacaccttcg ggaacatggc tgacttatca tggagccatt     1080
aaattggatg acaagatcc acaattcaaa gacaacgtca tactgctgaa caagcacatt     1140
gacgcataca aaacattccc accaacagag cctaaaaagg acaaaaagaa aaagactgat     1200
gaagctcagc ctttgccgca gagacaaaag aagcagccca ctgtgactct tcttcctgcg     1260
gctgacatgg atgatttctc cagacaactt caaaattcca tgagtggagc ttctgctgat     1320
tcaactcagg cataaacact catgatgacc acacaaggca gatgggctat gtaaacy      1377
```

```
<210> 39<211> 204<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 39
atattaggtt ttacctacc caggaaaagc caaccaacct cgatctcttg tagatctgtt      60
ctctaaacga acttttaaat ctgtgtagct gtcgctcggc tgcatgccta gtgcacctac     120
gcagtataaa caataataaa ttttactgtc gttgacaaga aacgagtaac tcgtccctct     180
tctgcagact gcttacggtt tcgt      204
```

```
<210> 40<211> 809<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 40
actcaagcat ttgggagacg tgggtccagaa caaacccaag gaaatttcgg ggaccaagac      60
ctaactcagac aaggaactga ttacaaacat tggccgcaaa ttgcacaatt tgctccaagt     120
```

S226CAS111.ST25

gcctctgcat tctttggaat gtcacgcatt ggcattggaag tcacaccttc gggaacatgg 180
 ctgacttatac atggagccat taaattggat gacaaagatc cacaattcaa agacaacgtc 240
 atactgctga acaagcacat tgacgcatac aaaacattcc caccaacaga gcctaaaaag 300
 gacaaaaaga aaaagactga tgaagctcag cctttgccgc agagacaaaa gaagcagccc 360
 actgtgactc ttcttcctgc ggctgacatg gatgatttct ccagacaact tcaaaattcc 420
 atgagtggag cttctgctga ttcaactcag gcataaacac tcatgatgac cacacaaggc 480
 agatgggcta tgtaaactgt ttcgcaattc cgtttacgat acatagtcta ctcttgctga 540
 gaatgaattc tcgtaactaa acagcacaag taggtttagt taactttaat ctcacatagc 600
 aatctttaat caatgtgtaa cattagggag gacttgaaag agccaccaca ttttcatcga 660
 ggccacgcgc agtacgatc agggtagatg gaataatgct agggagagct gcctatatgg 720
 aagagcccta atgtgtaaaa ttaattttag tagtgctatc cccatgtgat ttaatatgct 780
 tcttaggaga atgacaaaaa aaaaaaaaaa 809

<210> 41<211> 448<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 41 60
 aatgaacaca tagggctgtt caagctgggg cagtacgcct tttccagct ctactagacc
 acaagtgcc a tttttgaggt gttcacgtgc ctccgatagg gcctcttcca cagagtcccc 120
 gaagccacgc actagcacgt ctctaacttg aaggacaggc aaactgagtt ggacgtgtgt 180
 tttctcgttg acaccaagaa caaggctctc catcttacct ttcggtcaca cccggacgaa 240
 acctaggtat gctgatgatc gactgcaaca cggacgaaac cgtaagcagt ctgcagaaga 300
 gggacgagtt actcgtttct tgtcaacgac agtaaaattt attattgttt atactgcgta 360
 ggtgcactag gcatgcagcc gagcgacagc tacacagatt ttaaagttcg tttagagaac 420
 agatctacaa gagatcgagg ttggttgg 448

<210> 42<211> 2033<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 42 60
 atacctaggt ttcgtccggg tgtgaccgaa aggtaagatg gagagccttg ttcttggtgt
 caacgagaaa acacacgtcc aactcagttt gcctgtcctt caggtagag acgtgctagt 120
 gcgtggcttc ggggactctg tggaagaggc cctatcggag gcacgtgaac acctcaaaaa 180
 tggcacttgt ggtctagtag agctggaaaa aggcgtactg cccagcttg aacagcccta 240
 tgtgttcatt aaacgttctg atgccttaag caccaatcac ggccacaagg tcgttgagct 300
 gggtgcagaa atggacggca ttcagtacgg tcgtagcggg ataacttg gagtactcgt 360
 gccacatgtg ggcgaaaccc caattgcata ccgcaatgtt cttcttcgta agaacggtaa 420
 taaggagacc ggtggtcata gctatggcat cgatctaaag tcttatgact taggtgacga 480
 gcttggcact gatccattg aagattatga acaaaactgg aacactaagc atggcagtg 540
 tgcactccgt gaactcactc gtgagctcaa tggaggtgca gtcactcgct atgtcgacaa 600
 caatttctgt ggcccagatg ggtaccctct tgattgcac aaagattttc tcgcacgcgc 660
 gggcaagtca atgtgcactc tttccgaaca acttgattac atcgagtcga agagaggtgt 720

S226CAS111.ST25

ctactgctgc cgtgaccatg agcatgaaat tgcctgggttc actgagcgct ctgataagag	780
ctacgagcac cagacaccct tcgaaattaa gagtgccaaag aaatttgaca ctttcaaagg	840
ggaatgcccc aagtttgtgt ttcctcttaa ctcaaaagtc aaagtcattc aaccacgtgt	900
tgaaaagaaa aagactgagg gtttcatggg gcgtatacgc tctgtgtacc ctgttgcattc	960
tccacaggag tgtaacaata tgcacttgtc taccttgatg aaatgtaatc attgcatga	1020
agtttcatgg cagacgtgcg actttctgaa agccacttgt gaacattgtg gcaactgaaaa	1080
tttagttatt gaaggacctt ctacatgtgg gtacctacct actaatgctg tagtgaaaat	1140
gccatgtcct gcctgtcaag acccagagat tggacctgag catagtgttg cagattatca	1200
caaccactca aacattgaaa ctgactccg caagggagggt aggactagat gttttggagg	1260
ctgtgtgttt gcctatgttg gctgctataa taagcgtgcc tactgggttc ctgctgctag	1320
tgctgatatt ggctcaggcc atactggcat tactgggtgac aatgtggaga cttgaatga	1380
ggatctcctt gagatactga gtcgtgaacg tgttaacatt aacattgttg gcgattttca	1440
tttgaatgaa gaggttgcca tcattttggc atctttctct gcttctacaa gtgcctttat	1500
tgacactata aagagtcttg attacaagtc tttcaaaacc attgttgagt cctgcggtaa	1560
ctataaagtt accaagggaa agcccgtaaa aggtgcttgg aacattggac aacagagatc	1620
agttttaaca ccaactgtgtg gttttccctc acaggctgct ggtgttatca gatcaatttt	1680
tgcgcgca ca cttgatgcag caaaccactc aattcctgat ttgcaaagag cagctgtcac	1740
catacttgat ggtattttctg aacagtcatt acgtcttgtc gacgccatgg tttatacttc	1800
agacctgtc accaacagtg tcattattat ggcatatgta actgggtggc ttgtacaaca	1860
gacttctcag tggttgtcta atcttttggg cactactgtt gaaaaactca ggcctatctt	1920
tgaatggatt gaggcgaaac ttagtgcagg agttgaattt ctcaaggatg cttgggagat	1980
tctcaaattt ctcatcacag gtgtttttga catcgtcaag ggtcaaatac agg	2033
 <210> 43<211> 2018<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 43	
ggattgaggg gaaacttagt gcaggagttg aatttctcaa ggatgcttgg gagattctca	60
aatttctcat tacaggtgtt tttgacatcg tcaagggcca aatacagggt gcttcagata	120
acatcaagga ttgtgtaaaa tgcttcattg atgttggtta caaggcactc gaaatgtgca	180
ttgatcaagt cactatcgct ggcgcaaagt tgcgatcact caacttaggt gaagtcttca	240
tcgctcaaag caagggactt taccgtcagt gtatacgtgg caaggagcag ctgcaactac	300
tcatgcctct taaggcacca aaagaagtaa ctttcttga aggtgattca catgacacag	360
tacttacctc tgaggagggtt gttctcaaga acggtgaact cgaagcactc gagacgcccg	420
ttgatagctt cacaaatgga gctatcgttg gcacaccagt ctgtgtaaat ggcctcatgc	480
tccttagagat taaggacaaa gaacaatact gcgcattgtc tcctggttta ctggctacaa	540
acaatgtctt tcgcttaaaa ggggggtgcac caattaaagg tgtaaccttt ggagaagata	600
ctgtttggga agttcaagggt tacaagaatg tgagaatcac atttgagctt gatgaacgtg	660

S226CAS111.ST25

ttgacaaagt gcttaatgaa aagtgtctctg tctacactgt tgaatccggt accgaagtta	720
ctgagtttgc atgtgttgta gcagaggctg ttgtgaagac tttacaacca gtttctgac	780
tccttaccaa catgggtatt gatcttgatg agtggagtgt agctacattc tacttatttg	840
atgatgctgg tgaagaaaac ttttcatcac gtatgtattg ttccttttac cctccagatg	900
aggaagaaga ggacgatgca gagtgtgagg aagaagaaat tgatgaaacc tgtgaacatg	960
agtacgggtac agaggatgat tatcaaggtc tccctctgga atttggtgcc tcagctgaaa	1020
cagttcgagt tgaggaagaa gaagaggaag actggctgga tgatactact gagcaatcag	1080
agattgagcc agaaccagaa cctacacctg aagaaccagt taatcagttt actggttatt	1140
taaaacttac tgacaatggt gccattaaat gtgttgacat cgtaaggag gcacaaagtg	1200
ctaactctat ggtgattgta aatgctgcta acatacacct gaaacatggt ggtggtgtag	1260
caggtgcact caacaaggca accaatggtg ccatgcaaaa ggagagtgat gattacatta	1320
agctaaatgg ccctcttaca gtaggagggt ctgttttgct ttctggacat aatcttgcta	1380
agaagtgtct gcatgttggt ggacctaac taaatgcagg tgaggacatc cagcttctta	1440
aggcagcata tgaaaatttc aattcacagg acatcttact tgcaccattg ttgtcagcag	1500
gcatatttgg tgctaaacca cttcagtctt tacaagtgtg cgtgcagacg gttcgtacac	1560
aggtttatat tgcagtcaat gacaaagctc tttatgagca ggttgatcat gattatcttg	1620
ataacctgaa gcctagagtg gaagcaccta aacaagagga gccaccaaac acagaagatt	1680
ccaaaactga ggagaaatct gtcgtacaga agcctgtcga tgtgaagcca aaaattaagg	1740
cctgcattga tgaggttacc acaacactgg aagaaactaa gtttcttacc aataagttac	1800
tcttgtttgc tgatatcaat ggtaagcttt accatgattc tcagaacatg cttagagggtg	1860
aagatatgtc tttccttgag aaggatgcac cttacatggt aggtgatggt atcactagt	1920
gtgatatac ttgtgttgta ataccctcca aaaaggctgg tggcactact gagatgctct	1980
caagagcttt gaagaaagtg ccagttgatg agtatata	2018

<210> 44<211> 1442<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 44	60
ttgatgagg taccacaaca ctggaagaaa ctaagtttct taccaataag ttactcttgt	120
ttgctgatat caatggtaag ctttaccatg attctcagaa catgcttaga ggtgaagata	180
tgtctttcct tgagaaggat gcaccttaca tggtaggtga tggtatcact agtggtgata	240
tcacttggtg tgtaataccc tccaaaaagg ctggtggcac tactgagatg ctctcaagag	300
ctttgaagaa agtgccagtt gatgagtata taaccacgta ccctggacaa ggatgtgctg	360
gttatacact tgaggaagct aagactgctc ttaagaaatg caaatctgca ttttatgtac	420
taccttcaga agcaccta at gctaaggaag agattctagg aactgtatcc tggaatttga	480
gagaaatgct tgctcatgct gaagagacaa gaaaattaat gcctatatgc atggatgta	540
gagccataat ggcaaccatc caacgtaagt ataaaggaat taaaattcaa gagggcatcg	600
ttgactatgg tgtccgattc ttcttttata ctagtaaaga gcctgtagct tctattatta	

S226CAS111.ST25

cgaagctgaa	ctctctaaat	gagccgcttg	tcacaatgcc	aattgggttat	gtgacacatg	660
gttttaaatct	tgaagaggct	gcgcgctgta	tgcgttctct	taaagctcct	gccgtagtgt	720
cagtatcatc	accagatgct	gttactacat	ataatggata	cctcacttcg	tcatcaaaga	780
catctgagga	gcactttgta	gaaacagttt	ctttggctgg	ctcttacaga	gattggtcct	840
attcaggaca	gcgtacagag	ttaggtgttg	aatttcttaa	gcgtggtgac	aaaattgtgt	900
accacactct	ggagagcccc	gtcgagtttc	atcttgacgg	tgaggttctt	tcacttgaca	960
aactaaagag	tctcttatcc	ctgcgggagg	ttaagactat	aaaagtgttc	acaactgtgg	1020
acaacactaa	tctccacaca	cagcttgtgg	atatgtctat	gacatatgga	cagcagtttg	1080
gtccaacata	cttggatggt	gctgatgtta	caaaaattaa	acctcatgta	aatcatgagg	1140
gtaagacttt	ctttgtacta	cctagtgtatg	acacactacg	tagtgaagct	ttcgagtact	1200
accatactct	tgatgagagt	tttcttggtta	ggtacatgtc	tgcttttaaac	cacacaaaga	1260
aatggaaatt	tcctcaagtt	ggtgggttaa	cttcaattaa	atgggctgat	aacaattggt	1320
at ttgtctag	tg ttttatta	gcacttcaac	agcttgaagt	caaattcaat	gcaccagcac	1380
ttcaagaggc	ttattataga	gcccgtgctg	gtgatgctgc	taacttttgt	gcactcatac	1440
tc						1442

<210>	45<211>	1050<212>	DNA<213>	CORONAVIRUS<400>	45	
atatgtctat	gacatatgga	cagcagtttg	gtccaacata	cttggatggt	gctgatgtta	60
caaaaattaa	acctcatgta	aatcatgagg	gtaagacttt	ctttgtacta	cctagtgtatg	120
acacactacg	tagtgaagct	ttcgagtact	accatactct	tgatgagagt	tttcttggtta	180
ggtacatgtc	tgcttttaaac	cacacaaaga	aatggaaatt	tcctcaagtt	ggtgggttaa	240
cttcaattaa	atgggctgat	aacaattggt	at ttgtctag	tg ttttatta	gcacttcaac	300
agcttgaagt	caaattcaat	gcaccagcac	ttcaagaggc	ttattataga	gcccgtgctg	360
gtgatgctgc	taacttttgt	gcactcatac	tcgcttacag	taataaaaact	gttggcgagc	420
ttggtgatgt	cagagaaact	atgacccatc	ttctacagca	tgctaatttg	gaatctgcaa	480
agcgagttct	taatgtggtg	tgtaaacatt	gtggtcagaa	aactactacc	ttaacgggtg	540
tagaagctgt	gatgtatatg	ggtactctat	cttatgataa	tcttaagaca	ggtgtttcca	600
ttccatgtgt	gtgtggctcg	gatgctacac	aatatctagt	acaacaagag	tcttcttttg	660
ttatgatgtc	tgccaccact	gctgagtata	aattacagca	aggtacattc	ttatgtgcga	720
atgagtacac	tggttaactat	cagtgtggtc	attacactca	tataactgct	aaggagaccc	780
tctatcgtat	tgacggagct	caccttaca	agatgtcaga	gtacaaagga	ccagtgactg	840
atg ttttcta	caaggaaaca	tcttactacta	caaccatcaa	gcctgtgtcg	tataaactcg	900
atggagttac	ttacacagag	attgaaccaa	aattggatgg	gtattataaa	aaggataatg	960
cttactatac	agagcagcct	atagaccttg	taccaactca	accattacca	aatgcgagtt	1020
ttgataattt	caaactcaca	tg tttctaaca				1050

S226CAS111.ST25

```

<210> 46<211> 1995<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 46
tttgtgcact catactcgct tacagtaata aaactgttgg cgagcttggg gatgtcagag 60
aaactatgac ccatcttcta cagcatgcta atttggaatc tgcaaagcga gttcttaatg 120
tgggtgtgtaa acattgtggg cagaaaaacta ctaccttaac ggggtgtagaa gctgtgatgt 180
atatgggtac tctatcttat gataatctta agacaggtgt ttccattcca tgtgtgtgtg 240
gtcgtgatgc tacacaatat ctagtacaac aagagtcttc ttttgttatg atgtctgcac 300
cacctgctga gtataaatta cagcaaggta cattcttatg tgcgaatgag tacactggta 360
actatcagtg tggtcattac actcatataa ctgctaagga gaccctctat cgtattgacg 420
gagctcacct tacaaagatg tcagagtaca aaggaccagt gactgatgtt ttctacaagg 480
aaacatctta cactacaacc atcaagcctg tgtcgtataa actcgatgga gttacttaca 540
cagagattga accaaaattg gatgggtatt ataaaaagga taatgcttac tatacagagc 600
agcctataga cttgtacca actcaaccat taccaaagtc gagttttgat aatttcaaac 660
tcacatgttc taacacaaaa tttgctgatg atttaaataa aatgacaggc ttcacaaagc 720
cagcttcacg agagctatct gtcacattct tcccagactt gaatggcgat gtagtggcta 780
ttgactatag acactattca gcgagtttca agaaagggtgc taaattactg cataagccaa 840
ttgtttggca cattaaccag gctacaacca agacaacggt caaaccaaac acttggtggt 900
tacgttgtct ttggagtaca aagccagtag atacttcaaa ttcatttgaa gttctggcag 960
tagaagacac acaaggaatg gacaatcttg cttgtgaaag tcaacaaccc acctctgaag 1020
aagtagtgga aaatcctacc atacagaagg aagtcataga gtgtgacgtg aaaactaccg 1080
aagttgtagg caatgtcata cttaaaccat cagatgaagg tgttaaagta acacaagagt 1140
taggtcatga ggatcttatg gctgcttatg tggaaaacac aagcattacc attaagaaac 1200
ctaagtagct ttcactagcc ttaggtttta aaacaattgc cactcatggt attgctgcaa 1260
ttaatagtgt tccttgagggt aaaatttttg cttatgtcaa accattctta ggacaagcag 1320
caattacaac atcaaattgc gctaagagat tagcacaacg tgtgtttaac aatttatatgc 1380
cttatgtggt tacattattg ttccaattgt gtacttttac taaaagtacc aattctagaa 1440
ttagagcttc actacctaca actattgcta aaaatagtgt taagagtgtt gctaaattat 1500
gtttggatgc cggcattaat tatgtgaagt cacccaaatt ttctaaattg ttcacaatcg 1560
ctatgtggct attgttggtt agtatttgct taggttctct aatctgtgta actgctgctt 1620
ttggtgtact cttatctaatt tttggtgctc cttcttattg taatggcggt agagaattgt 1680
atcttaattc gtctaacggt actactatgg atttctgtga aggttctttt cttgacagca 1740
tttgtttaag tggattagac tcccttgatt cttatccagc tcttgaaacc attcaggtga 1800
cgatttcacg gtacaagcta gacttgacaa ttttaggtct ggccgctgag tgggttttgg 1860
catatatgtt gttcacaaaa ttcttttatt tattaggtct ttcagctata atgcaggtgt 1920
tctttggcta ttttgctagt catttcatca gcaattcttg gctcatgtgg tttatcatta 1980

```


S226CAS111.ST25

gtattgtaca aatgg 1995

<210> 47<211> 1884<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 47

aattcttggc tcatgtggtt tatcattagt attgtacaaa tggcaccctt ttctgcaatg	60
gtaggatgt acatcttctt tgcttctttc tactacatat ggaagagcta tgttcatatc	120
atggatgggt gcacctcttc gacttgcatt atgtgctata agcgcaatcg tgccacacgc	180
gttgagtgt caactattgt taatggcatt aagagatctt tctatgtcta tgcaaattgga	240
ggccgtgggt tctgcaagac tcacaattgg aattgtctca attgtgacac attttgcatt	300
ggtagtacat tcattagtga tgaagttgct cgtgatttgt cactccagtt taaaagacca	360
atcaacccta ctgaccagtc atcgtatatt gttgatagtg ttgctgtgaa aaatggcgcg	420
cttcacctct actttgacaa ggctgggtcaa aagacctatg agagacatcc gctctcccat	480
tttgtcaatt tagacaattt gagagctaac aacactaaag gttcactgcc tattaatgtc	540
atagtttttg atggcaagtc caaatgacgc gagtctgctt ctaagtctgc ttctgtgtac	600
tacagtcagc tgatgtgcca acctattctg ttgcttgacc aagctcttgt atcagacggt	660
ggagatagta ctgaagtttc cgtaagatg tttgatgctt atgtcgacac cttttcagca	720
acttttagtg ttcctatgga aaaacttaag gcattgtttg ctacagctca cagcgagtta	780
gcaaaggggt tagcttttaga tgggtgtcctt tctacattcg tgtcagctgc ccgacaagggt	840
gttgttgata ccgatgttga cacaaggat gttattgaat gtctcaaact ttcacatcac	900
tctgacttag aagtgcagg tgacagttgt aacaatttca tgcacaccta taataagggt	960
gaaaacatga cgcccagaga tcttggcgca tgtattgact gtaatgcaag gcatatcaat	1020
gccaagtag caaaaagtca caatgtttca ctcatctgga atgtaaaaga ctacatgtct	1080
ttatctgaac agctgcgtaa acaaatcgt agtgctgcca agaagaacaa catacctttt	1140
agactaactt gtgctacaac tagacagggt gtcaatgtca taactactaa aatctcactc	1200
aagggtggta agattgttag tacttgtttt aaacttatgc ttaaggccac attattgtgc	1260
gttcttgctg cattggtttg ttatatcggt atgccagtac atacattgtc aatccatgat	1320
ggttacacaa atgaaatcat tggttacaaa gccattcagg atgggtgtcac tcgtgacatc	1380
atcttacttg atgattgttt tgcaataaaa catgctgggt ttgacgcatg gtttagccag	1440
cggtgggtgt catacaaaaa tgacaaaagc tgccctgtag tagctgctat cattacaaga	1500
gagattgggt tcatagtgcc tggcttaccg ggtactgtgc tgagagcaat caatgggtgac	1560
ttcttgcatt ttctacctcg tgtttttagt gctgttggca acatttgcta cacaccttcc	1620
aaactcattg agtatagtga ttttgcctac tctgcttgcg ttcttgctgc tgagtgtaca	1680
atttttaagg atgctatggg caaacctgtg ccatattgtt atgacactaa tttgctagag	1740
ggttctatct cttatagtga gcttcgtcca gacactcggt atgtgcttat ggatgggttcc	1800
atcatacagt ttcctaacac ttacctggag ggttctgtta gagtagtaac aacttttgat	1860
gctgagtact gtagacatgg taca	1884

S226CAS111.ST25

<210> 48<211> 2020<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 48
 cactcgttat gtgcttatgg atggttccat catacagttt cctaacactt acctggaggg 60
 ttctgttaga gtagtaacaa cttttgatgc tgagtactgt agacatggta catgcgaaag 120
 gtcagaagta ggtatttgcc tatctaccag tggtagatgg gttcttaata atgagcatta 180
 cagagctcta tcaggagttt tctgtggtgt tgatgcgatg aatctcatag ctaacatctt 240
 tactcctctt gtgcaacctg tgggtgcttt agatgtgtct gcttcagtag tggctggtgg 300
 tattattgcc atattggtga cttgtgctgc ctactacttt atgaaattca gacgtgtttt 360
 tggtagtac aaccatgttg ttgctgctaa tgcacttttg tttttgatgt ctttcactat 420
 actctgtctg gtaccagctt acagctttct gccgggagtc tactcagtct tttacttgta 480
 cttgacattc tatttcacca atgatgtttc attcttggct caccttcaat ggtttgccat 540
 gttttctcct attgtgcctt tttggataac agcaatctat gtattctgta tttctctgaa 600
 gcactgccat tggttcttta acaactatct taggaaaaga gtcattgtta atggagttac 660
 atttagtacc ttcgaggagg ctgctttgtg tacctttttg ctcaacaagg aaatgtacct 720
 aaaattgcgt agcgagacac tgttgccact tacacagtat aacaggatc ttgctctata 780
 taacaagtac aagtatttca gtggagcctt agatactacc agctatcgtg aagcagcttg 840
 ctgccactta gcaaaggctc taaatgactt tagcaactca ggtgctgatg ttctctacca 900
 accaccacag acatcaatca cttctgctgt tctgcagagt ggtttttagga aaatggcatt 960
 cccgtcaggc aaagttgaag ggtgcatggg acaagtaacc tgtggaacta caactcttaa 1020
 tggattgtgg ttggatgaca cagtatactg tccaagacat gtcatttgca cagcagaaga 1080
 catgcttaat cctaactatg aagatctgct cattcgcaa tccaaccata gctttcttgt 1140
 tcaggctggc aatgttcaac ttcgtgttat tggccattct atgcaaaatt gtctgcttag 1200
 gcttaaagtt gatacttcta accctaagac acccaagtat aaatttgtcc gtatccaacc 1260
 tgggtcaaaca ttttcagttc tagcatgcta caatggttca ccatctggtg tttatcagtg 1320
 tgccatgaga cctaatacata ccattaaagg ttctttcctt aatggatcat gtggtagtgt 1380
 tggttttaac attgattatg attgctgtgc tttctgctat atgcatcata tggagcttcc 1440
 aacaggagta cacgctggta ctgacttaga aggtaaattc tatggtccat ttgttgacag 1500
 acaaactgca caggctgcag gtacagacac aaccataaca ttaaatgttt tggcatggct 1560
 gtatgctgct gttatcaatg gtgatagggt gtttcttaat agattcacca ctactttgaa 1620
 tgactttaac cttgtggcaa tgaagtacaa ctatgaacct ttgacacaag atcatgttga 1680
 catattggga cctctttctg ctcaaacagg aattgccgtc ttagatatgt gtgctgcttt 1740
 gaaagagctg ctgcagaatg gtatgaatgg tcgtactatc cttggtagca ctattttaga 1800
 agatgagttt acaccatttg atgttgtagt acaatgctct ggtgttacct tccaaggtaa 1860
 gttcaagaaa attgttaagg gcactcatca ttggatgctt ttaactttct tgacatcact 1920
 attgattctt gttcaaagta cacagtgggt actgtttttc tttgtttacg agaatgcttt 1980

S226CAS111.ST25

cttgccattt actcttggtt ttatggcaat tgctgcatgt 2020

<210> 49<211> 2040<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 49

agcattttcca gcctgaagac gtactgtagc agctaaactg cccagcacca tacctctatt 60

taggttgttt aagcctttga tgaagtacaa gtatttcact ttaggccctt ttggtgtgtc 120

tgtaacaaac ctacaagggtg gttccagttc tgtgtaaatt gtacctgtac catcactctt 180

agggaatcta gccatttga gatcttggtg gtctgatagt aatgccagca caaacctacc 240

tcccttcgaa ttgttatagt aggcaagtgc attgtcatca gtacaagctg tttgtgtggt 300

accagccgca caggacatct gtcgtagtgc tactggactc agttcattat tctgtagttt 360

aacagctgag ttggctctta gagctgtaac aataagaggc caagccaaat ttggtgaatt 420

gtccatgtta atttcactaa gttgaacaat cttgctatcc gcatcaacaa cttgctggat 480

ttcccagagt gcagatgcat atgtaaagggt gttaccatca caagtgttct ttaggtacc 540

ataatcaggg acaacaacca tgagtttggc tgctgtagtc aatggtagtga tgttgagtgg 600

aacacaacca tcacgcgcat tgttgataat gttgttaagt gcatcattat caagcttcct 660

aagcatagtg aagagcattg tttgcatagc actagttact tttgccctct tgtcctcaga 720

tcttgccgtg ttgtacattt gggtcatagc ctgatctgcc atcttttcca acttgcggtg 780

catggcagca tcacgggtcaa actcagattt agccacattc aaagatttct ttaacttttt 840

gagaacgact tcagaatcac cattagctac agcctgctca taggcctcct gggcagtggtc 900

ataagcggca tatgatggta aagaactaaa ttctgaagca atagcctgaa gagtagcacg 960

gttatcgagc atttcctcgc acaacctatt aatgtctaca gcaccctgca tggatagcaa 1020

aacagacaaa agagaaacca tcttctcgaa agcttcagtt gtgtcttttg caagaagaat 1080

atcattgtgg agttgtacac attgtgcccc caatttagaa gatgactcta ctctaagttg 1140

ttgaagaacc gagagcagta ccacagatgt gcactttacg tcagacattt tagactgtac 1200

agtagcaacc ttgatacatg gtttacctcc aataccaac aacttaatgt taagcttgaa 1260

agcatcaata ctactcttag gaggcaaaag cccctgggag ttcataatacc taaattcttg 1320

tgtagagacc aagtagtcat aaacaccaag agtaagcctg aagtaacggt tgagtaaaca 1380

gaaaaggcca aagtagcagc agcaacaata gcctaagaaa caataaaca gcatgataca 1440

ctgtaagggtg ttgccagtaa taaataacaa tgggtaatac tcaacacaca caaacactat 1500

agctctagct aaaaacatga tagtcgtaac gacaccagaa tagttagagg ttacagaaat 1560

aactaaggcc cacatggaaa tagcttgatc taaagcatta ccatagtaga ctttgtaaac 1620

aagtgtaatg acattcatca gtgtccaaac acgtctagca gcatcatcat aaacagtgcg 1680

agctgtcatg agaataagca aaactaaagc tgaagcatat ataacacaat ccttaagcct 1740

ataaccagac aagctagtgt cagccaattc aagccatgtc atgatacgca tcaccagct 1800

agcaggcatg tagaccatat taaagtaagc aactgttgca agagaaggta acagaaacaa 1860

gcacaagaat gcgtgcttat gcttaacaag cagcatagca catgcagcaa ttgccataat 1920

S226CAS111.ST25

accaagagta aatggcaaga aagcattctc gtaaacaag aaaaacagtg accactgtgt 1980
 actttgaaca agaatcaata gtgatgtcaa gaaagttaaa agcatccaat gatgagtga 2040

<210> 50<211> 2012<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 50
 cttgtaggtt tgttacagac acacaaaag ggcctaaagt gaaatacttg tacttcatca 60
 aaggcttaaa caacctaaat agaggatggt tgctgggcag tttagctgct acagtacgtc 120
 ttcaggctgg aaatgctaca gaagtacctg ccaattcaac tgtgctttcc ttctgtgctt 180
 ttgcagtaga ccctgctaaa gcatataagg attacctagc aagtggagga caaccaatca 240
 ccaactgtgt gaagatgttg tgtacacaca ctggtacagg acaggcaatt actgtaacac 300
 cagaagctaa catggaccaa ggtcctttg gtggtgcttc atgttgtctg tattgtagat 360
 gccacattga ccatccaaat cctaaaggat tctgtgactt gaaaggtaag tacgtccaaa 420
 tacctaccac ttgtgctaata gaccagtggt gttttacact tagaaacaca gtctgtaccg 480
 tctgcggaat gtggaaagggt tatggctgta gttgtgacca actccgcgaa cccttgatgc 540
 agtctgcgga tgcataacg tttttaaacg ggtttgcggt gtaagtgcag cccgtcttac 600
 accgtgcggc acaggcacta gtactgatgt cgtctacagg gcttttgata tttacaacga 660
 aaaagttgct ggttttgcaa agttcctaaa aactaattgc tgtcgcttcc aggagaagga 720
 tgaggaaggc aatttattag actcttactt tgtagttaag aggcatacta tgtctaacta 780
 ccaacatgaa gagactatatt ataacttgggt taaagattgt ccagcggttg ctgtccatga 840
 ctttttcaag tttagagtag atggtgacat ggtaccacat atatcacgtc agcgtctaac 900
 taaatacaca atggctgatt tagtctatgc tctacgtcat tttgatgagg gtaattgtga 960
 tacattaaaa gaaatactcg tcacatacaa ttgctgtgat gatgattatt tcaataagaa 1020
 ggattgggtat gacttcgtag agaatcctga catcttacgc gtatatgcta acttaggtga 1080
 gcgtgtacgc caatcattat taaagactgt acaattctgc gatgctatgc gtgatgcagg 1140
 cattgtaggc gtactgacat tagataatca ggatcttaat gggaactggt acgatttcgg 1200
 tgatttcgta caagtagcac caggctgcgg agttcctatt gtggattcat attactcatt 1260
 gctgatgccc atctcactt tgactagggc attggctgct gagtcccata tggatgctga 1320
 tctcgcaaaa ccacttatta agtgggattt gctgaaatat gattttacgg aagagagact 1380
 ttgtctcttc gaccgttatt ttaaattatt ggaccagaca taccatccca attgtattaa 1440
 ctgtttggat gataggtgta tccttcattg tgcaaaacttt aatgtgttat tttctactgt 1500
 gtttcacct acaagttttg gaccactagt aagaaaaata tttgtagatg gtgttccttt 1560
 tgttgtttca actggatacc attttcgtga gttaggagtc gtacataatc aggatgtaaa 1620
 cttacatagc tcgctgtctca gtttcaagga acttttagtg tatgctgctg atccagctat 1680
 gcatgcagct tctggcaatt tattgctaga taaacgcact acatgctttt cagtagctgc 1740
 actaacaac aatgttgctt ttcaaactgt caaaccgggt aattttaata aagactttta 1800
 tgactttgct gtgtctaaag gtttctttta ggaagggaagt tctgttgaac taaaacactt 1860

S226CAS111.ST25

cttctttgct caggatggca acgctgctat cagtgattat gactattatc gttataatct 1920
 gccacaatg tgtgatatca gacaactcct attcgtagtt gaagttgttg ataaataactt 1980
 tgattgttac gatggtggct gtattaatgc ca 2012

<210> 51<211> 1877<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 51
 gtacttcgcg tacagtggca ataccatatg acagcttaaa tgtttcctca gtggccttga 60
 gcgtttctgc tgcgaaaagc ttgagtctct cagtacaagt gttggcaagt atgtaatcgc 120
 cagcattagt ccaatcacat gttgctatcg cattgaagtc agtgacattg tcaactgccta 180
 cacatgtgtt tttgtataaa ccaaaaacct gaccattagc acataatgga aaactaatgg 240
 gaggcttatg tgacttgcaa taatagctca tacctcctag atacagttgt gtcacatcag 300
 tgacatcaca acctggggca ttgcaaacat agggattaac agacaacact aatttgtgtg 360
 atgttgaaat gacatggtca tagcagcact tgcaacatag gaatggcttc ctaatacagg 420
 caccgcaacg aagtgaagtc tgtgaattgc acaatacaca agcacctaca gcctgcaaga 480
 ctgtatgtgg tgtgtacata gcctcataaa actcagggtc ccagtaccgt gaggtgttat 540
 cattagttag cattacggaa tacatgtcca acatgtggcc agtaagctca tcatgtaact 600
 ttctaatagta ttgtaaatac aagtgaaga catcagcata ctctgatta ggatgttttg 660
 taagtgggta agcatcaata gccagtgaca cgaacctttc aatcataagt gtaccatctg 720
 ttttgacaat atcatcgaca aaacagcctg cgcctaatat tcttgatgga tctgggtaag 780
 gcaggtacac gtaatcatct ccttgtttaa ctagcattgt atgctgtgag caaaattcgt 840
 gaggtccttt agtaaggta gtctcagtc aacattttgc ctcagacatg aacacattat 900
 tttgataata aagaactgcc ttaaagtct taatgctagc tactaaacct tgagccgcat 960
 agttactgtt atagcacaca acggcatcat cagaaagaat catcatggag aaatgtttac 1020
 gcaggtaacg gtaaaactca tccacgaatt catgatcaac atccctatct ctatagagac 1080
 actcatagag cctgtgttgt agattgcgga catacttgtc agctatctta ttaccatcag 1140
 ttgaaagaag tgcatttaca ttggctgtaa cagcttgaca aatgttaaag aactattag 1200
 cataagcagt ttagcatca cggatgatg ttccacctgg tttaacatat agtgagccgc 1260
 cacacatgac catctcactt aatacttgcg cacactcgtt agctaacctg tagaaacggt 1320
 gtgataagtt acagcaagtg ttatgtttgc gagcaagaac aagagaggcc attatcctaa 1380
 gcatgttagg catggctctg tcacattttg gataatccca acccataagg tgtggagttt 1440
 ctacatcact gtaaacagtt tttaacatat tatgccagcc accgtaaaac ttgcttgctc 1500
 caattaccac agtagctcct ctagtggcgg ctattgactt caataatttc tgatgaaact 1560
 gtctattttg catagtacta cagatagaga caccagctac ggtgagagct ctattctttg 1620
 cactaatggc atacttaaga ttcatgtgag ttatagtagg gatgacatta cgcttagtat 1680
 acgcgaaaag tgcatttga tcctcataac tcattgagtc ataataaagt ctagccttac 1740
 cccatttatt aaatgggaaa ccagctgatt tatccagatt gttaacgatt acttggttgg 1800

S226CAS111.ST25

cattaatata gccaccatcg taacaatcaa agtattttatc aacaacttca actacgaata 1860
 ggagttgtct gatataca 1877

<210> 52<211> 2051<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 52 60
 tcagggtccaa tcttgacaaa gtacttcatt gatgtaagct caaagccatg cgcccaaagg
 acgaacacga ctctgtctga caatcctttc agtgtatcac tgagcatttg tactatctta 120
 atacgacta cattccaggg caagccttta tacatgagtg gtataagatg tttaaactgg 180
 tcacctgggtg gaggttttgc attaaactctg gtgaattctg tgttattttc agtgtcaaca 240
 taaccagtcg gtacagctac taagttaaca cctgtagaaa atcctagctg gagaggtagg 300
 ttagtaccaca cagcatctct agttgcatga cagccctcta catcaaagcc aatccacgca 360
 cgaacgtgac gaatagcttc ttcgcgggtg ataaacatat tagggtaacc attgacttgg 420
 taattcattt tgaaacccat catagagatg agtctacggg aggtcatgtc ctttggtatg 480
 cctgggtatgt caacacataa tccttcagtc ttgaacttta tatcaacgct gaggtgtgta 540
 ggtgcctgtg taggatgaag accagtaatg atcttactac agtccttaaa aagtccagtt 600
 acattttctg cttgtaatgt agccacattg cgacgtggta tttctagact tgtaaattgc 660
 agtttgtcat aaagatctct atcagacatt atgcacaaaa tgccaatttt tgcccttgtg 720
 atagccacat tgaagcgggt gacattacaa gagtgtgctg tttcagtagt ttgtgtgaat 780
 atgacatagt catattcaga accctgtgat gaatcaacag tctgcgtagg caatcctaag 840
 atttttgaag ctacagcggt ctgtgaatta taagggtgaga taaaaacagc ttttctccaa 900
 gcaggattgc gtgtaagaaa ttctcttaca acgcctattt gaggtctggt gattgcagat 960
 gaaacatcat gtgtaataac acctttgtag aacattttga agcattgagc tgacttatcc 1020
 ttgtgtgctt ttagcttatt gtcataaact aaagcactca cagtgtcaac aatttcagca 1080
 ggacaacggc gacaagttcc aaggaacatg tctggaccta ttgttttcat aagtctgcac 1140
 actgaattaa aatatttctg ttctagtgtg cttttagtca gcaatgtgcg gggggctggg 1200
 aattgagcag gatcgccaat atagacgtag tgttttgcac gaagtctagc attgacaaca 1260
 ctcaagtcat aattagtagc catagagatt tcatcaaaga ctacaatgtc agcagttggt 1320
 tctggcaatg catttacagt gcagaaaaca tactgttcta gtgttgaatt cactttgaat 1380
 ttatcaaaac actctacgcg cgcacgcga ggtatgattc tactacattt atctatgggc 1440
 aaatatttta atgccttttc acatagggca tcaacagctg catgagagca tgccgtatac 1500
 actatgagcag cagatgggta atagagagca agtccgatgg caaatgact cttaccagta 1560
 ccagggtggc cttggagtgt agagtacttt tgcattgccg ctttttgata atttgcaaca 1620
 ttgctagaaa actcatctga gatgttgagt gttgggtaca agccagtaat tctcacatag 1680
 tgctcttgtg gcactagagt aggtgcacta agtggcatta cagtgtgaga tgtcaacaca 1740
 aagtaatcac caacattcaa cttgtatgtc gtagtacctc tgtacacaac agcatcacca 1800
 tagtcacctt tttaaagggt gtactctcca atctgtactt tactattttt agttacacgg 1860

S226CAS111.ST25

taaccagtaa agacatagtt tctgttcaat ggtgggtctag gttttccaac ctcccatgaa	1920
agatgcaatt ctctgtcaga gagtacttcg cgtacagtgg caataccata tgacagctta	1980
aatgtttcct cagtggcttt gagcgtttct gctgcgaaaa gcttgagtct ctacagtacaa	2040
gtgttggtgcaa g	2051
<210> 53<211> 2075<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 53	60
tgcttgtagt tttgggtaga aggtttcaac atgtccatcc ttacaccaa gcatgaatga	120
aatttcagca tagtcaattg taaccttgac cacttttgaa atcactgaca aatcttgtga	180
ctttattatc tcgacaaagt catcaagtaa aagatcaatc acagaacaca cacattttga	240
tgaacctgtt tgcgcatctg ttatgaagta atttttcact gtgctgtcca tagggataaa	300
atcctctaata ttaagtgggtg aatcttgtga gcgcttggct aagcctatca ttaaataag	360
accgccaagt tgtccatgac tgaaatctcc ataaacgatg tgttcgaagg catagccctc	420
gagcttatat cgctgtatga attcatccat agcgagctcg agaaagtcag tttccatttg	480
tgatctgggc ttaaaatcct ctaagtctct gctctgagta aagtaggttt caggcaactg	540
ttgaataatg ccgtctactt tcttaaagta gttaaactgt gtttttactg attctccaat	600
taatgtgact ccattgacgc tagcttgtgc tgggtccctt gaagggtgta gaccttgac	660
tgaaccttct gttattaaaa caccattacg ggcgtttcta aaaagggtcta cctgtccttc	720
cactctacca tcaaacaaga cagtaagtga agaacaagca ctctcagtag gtttcttggc	780
aatgtcagtc attgtgcaga cacctattgt agatacatgt gctggggctt ctcttttgta	840
gtcccagatt acagtattag cagcgatatc aacacccaaa ttattgagta tcttaatctc	900
tggcactgggt ttaatgttac gcttagccca aagctcaaat gcaacattaa caggaagtgt	960
tgtcttattt tcaaagatct ccacatcaat accatctacc tttgtgtaaa cagcattatt	1020
aatgatggaa acagggtgctt cgccggcggtg tccatcaaag tgtcctttat taacaacatt	1080
ataagccaca ttttctaacc tctgtaacct ggtaaagtga ttccacaggt tataagtatc	1140
aaattgtttg taaatccata ggctaaatcc agcagaaatc atcatattat atgcatccaa	1200
gtactgtcgg tactcatttg catgggtgtct gcaaacagca ccacctaaat tgcacgtgt	1260
aatacacgta gcagatttga gtggaacata atcaatatcc gacactactt gtttgccatg	1320
agactcaca ggactatcag aatagtaaaa gaaaggcaat tgctttaaat tagtaaatgc	1380
acttttatcg aaagctggag tgtggaatgc atgcttattc acatacaaac taccaccatc	1440
acagcctgggt aagttcaagt ttgacaagac tcttgtgtca aacctacaca caattgcatt	1500
ggctgggttaa cgatcaacgt tacaattcca aaacaaacaa acaccatcag tgaatttatc	1560
gtgatgtgta gcataagaat agaagagttc ctctattttg taagctttgt cactacatgg	1620
ctgagcatcg tagaacttcc attctacttc agcctgaggc acacacttga tagcctttgg	1680
atttccaatg tcatgaagaa ctggaaactt atcagcaagc aatgcagact tcacaacat	1740
gtgttgtagt tttctgcaag cagaattaac cctcagttca tctcctataa tagggatttc	

S226CAS111.ST25

aacagaccaa tcaacgcgct taacaaagca ctcattggact gctaaacatc tagtcatgat	1800
agcatcacaa ctagccacat gtgcatttcc atgtacctgg caatgttggg catgggttact	1860
ctgaaggtta cccgtaaagc cccactgctg aacatcaatc ataaatgggt tatagacata	1920
gtcaaaaccc acagaatgat tccagcaggc ataagtatct gatgaagtag aaaagcaagt	1980
tgcacgtttg tcacacagac aacacgttct ttcagggtcca atcttgacaa agtacttcat	2040
tgatgtaagc tcaaagccat gcgcccacaa gacga	2075

<210> 54<211> 1891<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 54

aagattcacc acttaaatta gaggatttta tccctatgga cagcacagtg aaaaattact	60
tcataacaga tgcgcaaaca ggttcatcaa aatgtgtgtg ttctgtgatt gatcttttac	120
ttgatgactt tgtcgagata ataaagtcac aagatttgtc agtgatttca aaagtgggtca	180
aggttacaat tgactatgct gaaatttcat tcatgctttg gtgtaaggat ggacatgttg	240
aaaccttcta cccaaaacta caagcaagtc aagcgtggca accagggtgtt gcgatgccta	300
acttgtaaca gatgcaaaga atgcttcttg aaaagtgtga ccttcagaat tatggtgaaa	360
atgctgttat accaaaagga ataattgatga atgtcgcaaa gtataactcaa ctgtgtcaat	420
acttaatac acttacttta gctgtaccct acaacatgag agttattcac tttgggtgctg	480
gctctgataa aggagttgca ccagggtacag ctgtgctcag acaatgggtt ccaactggca	540
cactacttgt cgattcagat cttaatgact tcgtctccga cgcagattct actttaattg	600
gagactgtgc aacagtacat acggctaata aatgggacct tattattagc gatatgtatg	660
accctaggac caaacatgtg acaaaagaga atgactctaa agaagggttt ttcacttatc	720
tgtgtggatt tataaagcaa aaactagccc tgggtgggtc tatagctgta aagataacag	780
agcattcttg gaatgctgac ctttacaagc ttatgggcca tttctcatgg tggacagctt	840
ttgttacaaa tgtaaatgca tcatcatcgg aagcattttt aattggggct aactatcttg	900
gcaagccgaa ggaacaaatt gatggctata ccatgcatgc taactacatt ttctggagga	960
acacaaatcc tatccagttg tcttcctatt cactcttga catgagcaaa tttcctctta	1020
aattaagagg aactgctgta atgtctctta aggagaatca aatcaatgat atgatttatt	1080
ctcttctgga aaaaggtagg cttatcatta gagaaaacaa cagagttgtg gtttcaagtg	1140
atattcttgt taacaactaa acgaacatgt ttattttctt attatttctt actctcacta	1200
gtggtagtga ccttgaccgg tgcaccactt ttgatgatgt tcaagctcct aattacactc	1260
aacatacttc atctatgagg ggggtttact atcctgatga aatttttaga tcagacactc	1320
tttatttaac tcaggattta tttcttccat tttattctaa tgttacaggg tttcatacta	1380
ttaatcatak gtttggcaac cctgtcatak cttttaagga tggattttat tttgctgcca	1440
cagagaaatc aaatgttgtc cgtgggtggg tttttgggtc taccatgaac aacaagtcac	1500
agtcgggtgat tattattaac aatttacta atgttggtat acgagcatgt aactttgaat	1560
tgtgtgacaa ccttttcttt gctgtttcta aacccatggg tacacagaca catactatga	1620

S226CAS111.ST25

tattcgataa tgcatttaaat tgcacttttcg agtacatatac tgatgccttt tcgcttgatg 1680

tttcagaaaa gtcaggtaaat tttaaactac tacgagagtt tgtgttttaa aataaagatg 1740

ggtttctcta tgtttataag ggctatcaac ctatagatgt agttcgtgat ctaccttctg 1800

gttttaacac tttgaaacct atttttaagt tgcctcttgg tattaacatt acaaatttta 1860

gagccattct tacagccttt tcacctgctc a 1891

<210> 55<211> 32<212> DNA<213> ARTIFICIAL SEQUENCE<220><223> amorce N sens

<400> 55
cccatatgtc tgataatgga cccaatcaa ac 32

<210> 56<211> 32<212> DNA<213> artificial sequence<220><223> amorce N antisens

<400> 56
cccccggtg cctgagttga atcagcagaa gc 32

<210> 57<211> 31<212> DNA<213> artificial sequence<220><223> amorce Sc sens

<400> 57
cccatatgag tgaccttgac cggtgcacca c 31

<210> 58<211> 30<212> DNA<213> artificial sequence<220><223> amorce SL sens

<400> 58
cccatatgaa accttgcacc ccacctgctc 30

<210> 59<211> 33<212> DNA<213> amorce Sc et SL antisens<400> 59

cccccggtt taatatattg ctcataattt ccc 33

<210> 60<211> 16<212> DNA<213> amorce sens série 1<400> 60

ggcatcgtat gggttg 16

<210> 61<211> 16<212> DNA<213> amorce antisens série 2 (28774-28759)<400> 61

cagtttcacc acctcc 16

<210> 62<211> 16<212> DNA<213> amorce sens série 2 (28375-28390)<400> 62

ggctactacc gaagag 16

<210> 63<211> 16<212> DNA<213> amorce antisens série 2 (28702-28687)<400> 63

aattaccgcg actacg 16

<210> 64<211> 26<212> DNA<213> sonde 1/série 1 (28561-28586)<400> 64

ggcaccgcga atcctaataa caatgc 26

<210> 65<211> 21<212> DNA<213> sonde 2/série 1 (28588-28608)<400> 65

gccaccgtgc tacaatttc t 21

<210> 66<211> 23<212> DNA<213> sonde 1/série 2 /sonde N/FL (28541-28563)<400> 66

atacacccaa agaccacatt ggc 23

S226CAS111.ST25

<210> 67<211> 25<212> DNA<213> sonde 2/série 2/sonde SARS/N/LC705
(28565-28589)<400> 67
cccgaatcc taataacaat gctgc 25

<210> 68<211> 30<212> DNA<213> artificial sequence<220><223> amorce ancre
14T

<400> 68
agatgaattc ggtacctttt tttttttttt 30

<210> 69<211> 13<212> PRT<213> artificial sequence<220><223> peptide M2-14
<400> 69
Ala Asp Asn Gly Thr Ile Thr Val Glu Glu Leu Lys Gln
1 5 10

<210> 70<211> 12<212> PRT<213> artificial sequence<220><223> peptide E1-12
<400> 70
Met Tyr Ser Phe Val Ser Glu Glu Thr Gly Thr Leu
1 5 10

<210> 71<211> 24<212> PRT<213> artificial sequence<220><223> peptide E53-72
<400> 71
Lys Pro Thr Val Tyr Val Tyr Ser Arg Val Lys Asn Leu Asn Ser Ser
1 5 10 15
Glu Gly Val Pro Asp Leu Leu Val
20

<210> 72<211> 153<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 72
gatattaggt tttaacctac ccaggaaaag ccaaccaacc tcgatctctt gtagatctgt 60
tctctaaacg aactttaaaa tctgtgtagc tgtcgtcgg ctgcatgcct agtgcaccta 120
cgcagtataa acaataataa attttactgt cgt 153

<210> 73<211> 410<212> DNA<213> CORONAVIRUS<400> 73
ttctccagac aacttcaaaa ttccatgagt ggagcttctg ctgattcaac tcaggcataa 60
acactcatga tgaccacaca aggcatggt gctatgtaaa cgttttcgca attccgttta 120
cgatacatag tctactcttg tgcagaatga attctcgtaa ctaaacagca caagtaggtt 180
tagttaactt taatctcaca tagcaatctt taatcaatgt gtaacattag ggaggacttg 240
aaagagccac cacattttca tcgaggccac gcggagtacg atcgagggta cagtgaataa 300
tgctagggag agctgcctat atggaagagc cctaattgtgt aaaattaatt ttagtagtgc 360
tatcccatg tgattttaat agcttcttag gagaatgaca aaaaaaaaaa 410

<210> 74<211> 4382<212> PRT<213> CORONAVIRUS<400> 74

S226CAS111.ST25

Met Glu Ser Leu Val Leu Gly Val Asn Glu Lys Thr His Val Gln Leu
 1 5 10 15
 Ser Leu Pro Val Leu Gln Val Arg Asp Val Leu Val Arg Gly Phe Gly
 20 25 30
 Asp Ser Val Glu Glu Ala Leu Ser Glu Ala Arg Glu His Leu Lys Asn
 35 40 45
 Gly Thr Cys Gly Leu Val Glu Leu Glu Lys Gly Val Leu Pro Gln Leu
 50 55 60
 Glu Gln Pro Tyr Val Phe Ile Lys Arg Ser Asp Ala Leu Ser Thr Asn
 65 70 75 80
 His Gly His Lys Val Val Glu Leu Val Ala Glu Met Asp Gly Ile Gln
 85 90 95
 Tyr Gly Arg Ser Gly Ile Thr Leu Gly Val Leu Val Pro His Val Gly
 100 105 110
 Glu Thr Pro Ile Ala Tyr Arg Asn Val Leu Leu Arg Lys Asn Gly Asn
 115 120 125
 Lys Gly Ala Gly Gly His Ser Tyr Gly Ile Asp Leu Lys Ser Tyr Asp
 130 135 140
 Leu Gly Asp Glu Leu Gly Thr Asp Pro Ile Glu Asp Tyr Glu Gln Asn
 145 150 155 160
 Trp Asn Thr Lys His Gly Ser Gly Ala Leu Arg Glu Leu Thr Arg Glu
 165 170 175
 Leu Asn Gly Gly Ala Val Thr Arg Tyr Val Asp Asn Asn Phe Cys Gly
 180 185 190
 Pro Asp Gly Tyr Pro Leu Asp Cys Ile Lys Asp Phe Leu Ala Arg Ala
 195 200 205
 Gly Lys Ser Met Cys Thr Leu Ser Glu Gln Leu Asp Tyr Ile Glu Ser
 210 215 220
 Lys Arg Gly Val Tyr Cys Cys Arg Asp His Glu His Glu Ile Ala Trp
 225 230 235 240
 Phe Thr Glu Arg Ser Asp Lys Ser Tyr Glu His Gln Thr Pro Phe Glu
 245 250 255
 Ile Lys Ser Ala Lys Lys Phe Asp Thr Phe Lys Gly Glu Cys Pro Lys
 260 265 270

S226CAS111.ST25

Phe Val Phe Pro Leu Asn Ser Lys Val Lys Val Ile Gln Pro Arg Val
275 280 285

Glu Lys Lys Lys Thr Glu Gly Phe Met Gly Arg Ile Arg Ser Val Tyr
290 295 300

Pro Val Ala Ser Pro Gln Glu Cys Asn Asn Met His Leu Ser Thr Leu
305 310 315 320

Met Lys Cys Asn His Cys Asp Glu Val Ser Trp Gln Thr Cys Asp Phe
325 330 335

Leu Lys Ala Thr Cys Glu His Cys Gly Thr Glu Asn Leu Val Ile Glu
340 345 350

Gly Pro Thr Thr Cys Gly Tyr Leu Pro Thr Asn Ala Val Val Lys Met
355 360 365

Pro Cys Pro Ala Cys Gln Asp Pro Glu Ile Gly Pro Glu His Ser Val
370 375 380

Ala Asp Tyr His Asn His Ser Asn Ile Glu Thr Arg Leu Arg Lys Gly
385 390 395 400

Gly Arg Thr Arg Cys Phe Gly Gly Cys Val Phe Ala Tyr Val Gly Cys
405 410 415

Tyr Asn Lys Arg Ala Tyr Trp Val Pro Arg Ala Ser Ala Asp Ile Gly
420 425 430

Ser Gly His Thr Gly Ile Thr Gly Asp Asn Val Glu Thr Leu Asn Glu
435 440 445

Asp Leu Leu Glu Ile Leu Ser Arg Glu Arg Val Asn Ile Asn Ile Val
450 455 460

Gly Asp Phe His Leu Asn Glu Glu Val Ala Ile Ile Leu Ala Ser Phe
465 470 475 480

Ser Ala Ser Thr Ser Ala Phe Ile Asp Thr Ile Lys Ser Leu Asp Tyr
485 490 495

Lys Ser Phe Lys Thr Ile Val Glu Ser Cys Gly Asn Tyr Lys Val Thr
500 505 510

Lys Gly Lys Pro Val Lys Gly Ala Trp Asn Ile Gly Gln Gln Arg Ser
515 520 525

Val Leu Thr Pro Leu Cys Gly Phe Pro Ser Gln Ala Ala Gly Val Ile
530 535 540

S226CAS111.ST25

Arg Ser Ile Phe Ala Arg Thr Leu Asp Ala Ala Asn His Ser Ile Pro
 545 550 555 560
 Asp Leu Gln Arg Ala Ala Val Thr Ile Leu Asp Gly Ile Ser Glu Gln
 565 570 575
 Ser Leu Arg Leu Val Asp Ala Met Val Tyr Thr Ser Asp Leu Leu Thr
 580 585 590
 Asn Ser Val Ile Ile Met Ala Tyr Val Thr Gly Gly Leu Val Gln Gln
 595 600 605
 Thr Ser Gln Trp Leu Ser Asn Leu Leu Gly Thr Thr Val Glu Lys Leu
 610 615 620
 Arg Pro Ile Phe Glu Trp Ile Glu Ala Lys Leu Ser Ala Gly Val Glu
 625 630 635 640
 Phe Leu Lys Asp Ala Trp Glu Ile Leu Lys Phe Leu Ile Thr Gly Val
 645 650 655
 Phe Asp Ile Val Lys Gly Gln Ile Gln Val Ala Ser Asp Asn Ile Lys
 660 665 670
 Asp Cys Val Lys Cys Phe Ile Asp Val Val Asn Lys Ala Leu Glu Met
 675 680 685
 Cys Ile Asp Gln Val Thr Ile Ala Gly Ala Lys Leu Arg Ser Leu Asn
 690 695 700
 Leu Gly Glu Val Phe Ile Ala Gln Ser Lys Gly Leu Tyr Arg Gln Cys
 705 710 715 720
 Ile Arg Gly Lys Glu Gln Leu Gln Leu Leu Met Pro Leu Lys Ala Pro
 725 730 735
 Lys Glu Val Thr Phe Leu Glu Gly Asp Ser His Asp Thr Val Leu Thr
 740 745 750
 Ser Glu Glu Val Val Leu Lys Asn Gly Glu Leu Glu Ala Leu Glu Thr
 755 760 765
 Pro Val Asp Ser Phe Thr Asn Gly Ala Ile Val Gly Thr Pro Val Cys
 770 775 780
 Val Asn Gly Leu Met Leu Leu Glu Ile Lys Asp Lys Glu Gln Tyr Cys
 785 790 795 800
 Ala Leu Ser Pro Gly Leu Leu Ala Thr Asn Asn Val Phe Arg Leu Lys
 805 810 815

S226CAS111.ST25

Gly Gly Ala Pro Ile Lys Gly Val Thr Phe Gly Glu Asp Thr Val Trp
820 825 830

Glu Val Gln Gly Tyr Lys Asn Val Arg Ile Thr Phe Glu Leu Asp Glu
835 840 845

Arg Val Asp Lys Val Leu Asn Glu Lys Cys Ser Val Tyr Thr Val Glu
850 855 860

Ser Gly Thr Glu Val Thr Glu Phe Ala Cys Val Val Ala Glu Ala Val
865 870 875 880

Val Lys Thr Leu Gln Pro Val Ser Asp Leu Leu Thr Asn Met Gly Ile
885 890 895

Asp Leu Asp Glu Trp Ser Val Ala Thr Phe Tyr Leu Phe Asp Asp Ala
900 905 910

Gly Glu Glu Asn Phe Ser Ser Arg Met Tyr Cys Ser Phe Tyr Pro Pro
915 920 925

Asp Glu Glu Glu Glu Asp Asp Ala Glu Cys Glu Glu Glu Glu Ile Asp
930 935 940

Glu Thr Cys Glu His Glu Tyr Gly Thr Glu Asp Asp Tyr Gln Gly Leu
945 950 955 960

Pro Leu Glu Phe Gly Ala Ser Ala Glu Thr Val Arg Val Glu Glu Glu
965 970 975

Glu Glu Glu Asp Trp Leu Asp Asp Thr Thr Glu Gln Ser Glu Ile Glu
980 985 990

Pro Glu Pro Glu Pro Thr Pro Glu Glu Pro Val Asn Gln Phe Thr Gly
995 1000 1005

Tyr Leu Lys Leu Thr Asp Asn Val Ala Ile Lys Cys Val Asp Ile
1010 1015 1020

Val Lys Glu Ala Gln Ser Ala Asn Pro Met Val Ile Val Asn Ala
1025 1030 1035

Ala Asn Ile His Leu Lys His Gly Gly Gly Val Ala Gly Ala Leu
1040 1045 1050

Asn Lys Ala Thr Asn Gly Ala Met Gln Lys Glu Ser Asp Asp Tyr
1055 1060 1065

Ile Lys Leu Asn Gly Pro Leu Thr Val Gly Gly Ser Cys Leu Leu
1070 1075 1080

S226CAS111.ST25

Ser Gly His Asn Leu Ala Lys Lys Cys Leu His Val Val Gly Pro
 1085 1090 1095

Asn Leu Asn Ala Gly Glu Asp Ile Gln Leu Leu Lys Ala Ala Tyr
 1100 1105 1110

Glu Asn Phe Asn Ser Gln Asp Ile Leu Leu Ala Pro Leu Leu Ser
 1115 1120 1125

Ala Gly Ile Phe Gly Ala Lys Pro Leu Gln Ser Leu Gln Val Cys
 1130 1135 1140

Val Gln Thr Val Arg Thr Gln Val Tyr Ile Ala Val Asn Asp Lys
 1145 1150 1155

Ala Leu Tyr Glu Gln Val Val Met Asp Tyr Leu Asp Asn Leu Lys
 1160 1165 1170

Pro Arg Val Glu Ala Pro Lys Gln Glu Glu Pro Pro Asn Thr Glu
 1175 1180 1185

Asp Ser Lys Thr Glu Glu Lys Ser Val Val Gln Lys Pro Val Asp
 1190 1195 1200

Val Lys Pro Lys Ile Lys Ala Cys Ile Asp Glu Val Thr Thr Thr
 1205 1210 1215

Leu Glu Glu Thr Lys Phe Leu Thr Asn Lys Leu Leu Leu Phe Ala
 1220 1225 1230

Asp Ile Asn Gly Lys Leu Tyr His Asp Ser Gln Asn Met Leu Arg
 1235 1240 1245

Gly Glu Asp Met Ser Phe Leu Glu Lys Asp Ala Pro Tyr Met Val
 1250 1255 1260

Gly Asp Val Ile Thr Ser Gly Asp Ile Thr Cys Val Val Ile Pro
 1265 1270 1275

Ser Lys Lys Ala Gly Gly Thr Thr Glu Met Leu Ser Arg Ala Leu
 1280 1285 1290

Lys Lys Val Pro Val Asp Glu Tyr Ile Thr Thr Tyr Pro Gly Gln
 1295 1300 1305

Gly Cys Ala Gly Tyr Thr Leu Glu Glu Ala Lys Thr Ala Leu Lys
 1310 1315 1320

Lys Cys Lys Ser Ala Phe Tyr Val Leu Pro Ser Glu Ala Pro Asn
 1325 1330 1335

S226CAS111.ST25

Ala Lys Glu Glu Ile Leu Gly Thr Val Ser Trp Asn Leu Arg Glu
1340 1345 1350

Met Leu Ala His Ala Glu Glu Thr Arg Lys Leu Met Pro Ile Cys
1355 1360 1365

Met Asp Val Arg Ala Ile Met Ala Thr Ile Gln Arg Lys Tyr Lys
1370 1375 1380

Gly Ile Lys Ile Gln Glu Gly Ile Val Asp Tyr Gly Val Arg Phe
1385 1390 1395

Phe Phe Tyr Thr Ser Lys Glu Pro Val Ala Ser Ile Ile Thr Lys
1400 1405 1410

Leu Asn Ser Leu Asn Glu Pro Leu Val Thr Met Pro Ile Gly Tyr
1415 1420 1425

Val Thr His Gly Phe Asn Leu Glu Glu Ala Ala Arg Cys Met Arg
1430 1435 1440

Ser Leu Lys Ala Pro Ala Val Val Ser Val Ser Ser Pro Asp Ala
1445 1450 1455

Val Thr Thr Tyr Asn Gly Tyr Leu Thr Ser Ser Ser Lys Thr Ser
1460 1465 1470

Glu Glu His Phe Val Glu Thr Val Ser Leu Ala Gly Ser Tyr Arg
1475 1480 1485

Asp Trp Ser Tyr Ser Gly Gln Arg Thr Glu Leu Gly Val Glu Phe
1490 1495 1500

Leu Lys Arg Gly Asp Lys Ile Val Tyr His Thr Leu Glu Ser Pro
1505 1510 1515

Val Glu Phe His Leu Asp Gly Glu Val Leu Ser Leu Asp Lys Leu
1520 1525 1530

Lys Ser Leu Leu Ser Leu Arg Glu Val Lys Thr Ile Lys Val Phe
1535 1540 1545

Thr Thr Val Asp Asn Thr Asn Leu His Thr Gln Leu Val Asp Met
1550 1555 1560

Ser Met Thr Tyr Gly Gln Gln Phe Gly Pro Thr Tyr Leu Asp Gly
1565 1570 1575

Ala Asp Val Thr Lys Ile Lys Pro His Val Asn His Glu Gly Lys
1580 1585 1590

S226CAS111.ST25

Thr Phe Phe Val Leu Pro Ser Asp Asp Thr Leu Arg Ser Glu Ala
 1595 1600 1605
 Phe Glu Tyr Tyr His Thr Leu Asp Glu Ser Phe Leu Gly Arg Tyr
 1610 1615 1620
 Met Ser Ala Leu Asn His Thr Lys Lys Trp Lys Phe Pro Gln Val
 1625 1630 1635
 Gly Gly Leu Thr Ser Ile Lys Trp Ala Asp Asn Asn Cys Tyr Leu
 1640 1645 1650
 Ser Ser Val Leu Leu Ala Leu Gln Gln Leu Glu Val Lys Phe Asn
 1655 1660 1665
 Ala Pro Ala Leu Gln Glu Ala Tyr Tyr Arg Ala Arg Ala Gly Asp
 1670 1675 1680
 Ala Ala Asn Phe Cys Ala Leu Ile Leu Ala Tyr Ser Asn Lys Thr
 1685 1690 1695
 Val Gly Glu Leu Gly Asp Val Arg Glu Thr Met Thr His Leu Leu
 1700 1705 1710
 Gln His Ala Asn Leu Glu Ser Ala Lys Arg Val Leu Asn Val Val
 1715 1720 1725
 Cys Lys His Cys Gly Gln Lys Thr Thr Thr Leu Thr Gly Val Glu
 1730 1735 1740
 Ala Val Met Tyr Met Gly Thr Leu Ser Tyr Asp Asn Leu Lys Thr
 1745 1750 1755
 Gly Val Ser Ile Pro Cys Val Cys Gly Arg Asp Ala Thr Gln Tyr
 1760 1765 1770
 Leu Val Gln Gln Glu Ser Ser Phe Val Met Met Ser Ala Pro Pro
 1775 1780 1785
 Ala Glu Tyr Lys Leu Gln Gln Gly Thr Phe Leu Cys Ala Asn Glu
 1790 1795 1800
 Tyr Thr Gly Asn Tyr Gln Cys Gly His Tyr Thr His Ile Thr Ala
 1805 1810 1815
 Lys Glu Thr Leu Tyr Arg Ile Asp Gly Ala His Leu Thr Lys Met
 1820 1825 1830
 Ser Glu Tyr Lys Gly Pro Val Thr Asp Val Phe Tyr Lys Glu Thr
 1835 1840 1845

S226CAS111.ST25

Ser	Tyr	Thr	Thr	Thr	Ile	Lys	Pro	Val	Ser	Tyr	Lys	Leu	Asp	Gly
1850						1855					1860			
Val	Thr	Tyr	Thr	Glu	Ile	Glu	Pro	Lys	Leu	Asp	Gly	Tyr	Tyr	Lys
1865						1870					1875			
Lys	Asp	Asn	Ala	Tyr	Tyr	Thr	Glu	Gln	Pro	Ile	Asp	Leu	Val	Pro
1880						1885					1890			
Thr	Gln	Pro	Leu	Pro	Asn	Ala	Ser	Phe	Asp	Asn	Phe	Lys	Leu	Thr
1895						1900					1905			
Cys	Ser	Asn	Thr	Lys	Phe	Ala	Asp	Asp	Leu	Asn	Gln	Met	Thr	Gly
1910						1915					1920			
Phe	Thr	Lys	Pro	Ala	Ser	Arg	Glu	Leu	Ser	Val	Thr	Phe	Phe	Pro
1925						1930					1935			
Asp	Leu	Asn	Gly	Asp	Val	Val	Ala	Ile	Asp	Tyr	Arg	His	Tyr	Ser
1940						1945					1950			
Ala	Ser	Phe	Lys	Lys	Gly	Ala	Lys	Leu	Leu	His	Lys	Pro	Ile	Val
1955						1960					1965			
Trp	His	Ile	Asn	Gln	Ala	Thr	Thr	Lys	Thr	Thr	Phe	Lys	Pro	Asn
1970						1975					1980			
Thr	Trp	Cys	Leu	Arg	Cys	Leu	Trp	Ser	Thr	Lys	Pro	Val	Asp	Thr
1985						1990					1995			
Ser	Asn	Ser	Phe	Glu	Val	Leu	Ala	Val	Glu	Asp	Thr	Gln	Gly	Met
2000						2005					2010			
Asp	Asn	Leu	Ala	Cys	Glu	Ser	Gln	Gln	Pro	Thr	Ser	Glu	Glu	Val
2015						2020					2025			
Val	Glu	Asn	Pro	Thr	Ile	Gln	Lys	Glu	Val	Ile	Glu	Cys	Asp	Val
2030						2035					2040			
Lys	Thr	Thr	Glu	Val	Val	Gly	Asn	Val	Ile	Leu	Lys	Pro	Ser	Asp
2045						2050					2055			
Glu	Gly	Val	Lys	Val	Thr	Gln	Glu	Leu	Gly	His	Glu	Asp	Leu	Met
2060						2065					2070			
Ala	Ala	Tyr	Val	Glu	Asn	Thr	Ser	Ile	Thr	Ile	Lys	Lys	Pro	Asn
2075						2080					2085			
Glu	Leu	Ser	Leu	Ala	Leu	Gly	Leu	Lys	Thr	Ile	Ala	Thr	His	Gly
2090						2095					2100			

S226CAS111.ST25

Ile Ala Ala Ile Asn Ser Val Pro Trp Ser Lys Ile Leu Ala Tyr
 2105 2110 2115
 Val Lys Pro Phe Leu Gly Gln Ala Ala Ile Thr Thr Ser Asn Cys
 2120 2125 2130
 Ala Lys Arg Leu Ala Gln Arg Val Phe Asn Asn Tyr Met Pro Tyr
 2135 2140 2145
 Val Phe Thr Leu Leu Phe Gln Leu Cys Thr Phe Thr Lys Ser Thr
 2150 2155 2160
 Asn Ser Arg Ile Arg Ala Ser Leu Pro Thr Thr Ile Ala Lys Asn
 2165 2170 2175
 Ser Val Lys Ser Val Ala Lys Leu Cys Leu Asp Ala Gly Ile Asn
 2180 2185 2190
 Tyr Val Lys Ser Pro Lys Phe Ser Lys Leu Phe Thr Ile Ala Met
 2195 2200 2205
 Trp Leu Leu Leu Leu Ser Ile Cys Leu Gly Ser Leu Ile Cys Val
 2210 2215 2220
 Thr Ala Ala Phe Gly Val Leu Leu Ser Asn Phe Gly Ala Pro Ser
 2225 2230 2235
 Tyr Cys Asn Gly Val Arg Glu Leu Tyr Leu Asn Ser Ser Asn Val
 2240 2245 2250
 Thr Thr Met Asp Phe Cys Glu Gly Ser Phe Pro Cys Ser Ile Cys
 2255 2260 2265
 Leu Ser Gly Leu Asp Ser Leu Asp Ser Tyr Pro Ala Leu Glu Thr
 2270 2275 2280
 Ile Gln Val Thr Ile Ser Ser Tyr Lys Leu Asp Leu Thr Ile Leu
 2285 2290 2295
 Gly Leu Ala Ala Glu Trp Val Leu Ala Tyr Met Leu Phe Thr Lys
 2300 2305 2310
 Phe Phe Tyr Leu Leu Gly Leu Ser Ala Ile Met Gln Val Phe Phe
 2315 2320 2325
 Gly Tyr Phe Ala Ser His Phe Ile Ser Asn Ser Trp Leu Met Trp
 2330 2335 2340
 Phe Ile Ile Ser Ile Val Gln Met Ala Pro Val Ser Ala Met Val
 2345 2350 2355

S226CAS111.ST25

Arg	Met 2360	Tyr	Ile	Phe	Phe	Ala 2365	Ser	Phe	Tyr	Tyr	Ile 2370	Trp	Lys	Ser
Tyr	Val 2375	His	Ile	Met	Asp	Gly 2380	Cys	Thr	Ser	Ser	Thr 2385	Cys	Met	Met
Cys	Tyr 2390	Lys	Arg	Asn	Arg	Ala 2395	Thr	Arg	Val	Glu	Cys 2400	Thr	Thr	Ile
Val	Asn 2405	Gly	Met	Lys	Arg	Ser 2410	Phe	Tyr	Val	Tyr	Ala 2415	Asn	Gly	Gly
Arg	Gly 2420	Phe	Cys	Lys	Thr	His 2425	Asn	Trp	Asn	Cys	Leu 2430	Asn	Cys	Asp
Thr	Phe 2435	Cys	Thr	Gly	Ser	Thr 2440	Phe	Ile	Ser	Asp	Glu 2445	Val	Ala	Arg
Asp	Leu 2450	Ser	Leu	Gln	Phe	Lys 2455	Arg	Pro	Ile	Asn	Pro 2460	Thr	Asp	Gln
Ser	Ser 2465	Tyr	Ile	Val	Asp	Ser 2470	Val	Ala	Val	Lys	Asn 2475	Gly	Ala	Leu
His	Leu 2480	Tyr	Phe	Asp	Lys	Ala 2485	Gly	Gln	Lys	Thr	Tyr 2490	Glu	Arg	His
Pro	Leu 2495	Ser	His	Phe	Val	Asn 2500	Leu	Asp	Asn	Leu	Arg 2505	Ala	Asn	Asn
Thr	Lys 2510	Gly	Ser	Leu	Pro	Ile 2515	Asn	Val	Ile	Val	Phe 2520	Asp	Gly	Lys
Ser	Lys 2525	Cys	Asp	Glu	Ser	Ala 2530	Ser	Lys	Ser	Ala	Ser 2535	Val	Tyr	Tyr
Ser	Gln 2540	Leu	Met	Cys	Gln	Pro 2545	Ile	Leu	Leu	Leu	Asp 2550	Gln	Ala	Leu
Val	Ser 2555	Asp	Val	Gly	Asp	Ser 2560	Thr	Glu	Val	Ser	Val 2565	Lys	Met	Phe
Asp	Ala 2570	Tyr	Val	Asp	Thr	Phe 2575	Ser	Ala	Thr	Phe	Ser 2580	Val	Pro	Met
Glu	Lys 2585	Leu	Lys	Ala	Leu	Val 2590	Ala	Thr	Ala	His	Ser 2595	Glu	Leu	Ala
Lys	Gly 2600	Val	Ala	Leu	Asp	Gly 2605	Val	Leu	Ser	Thr	Phe 2610	Val	Ser	Ala

S226CAS111.ST25

Ala	Arg	Gln	Gly	Val	Val	Asp	Thr	Asp	Val	Asp	Thr	Lys	Asp	Val
2615						2620					2625			
Ile	Glu	Cys	Leu	Lys	Leu	Ser	His	His	Ser	Asp	Leu	Glu	Val	Thr
2630						2635					2640			
Gly	Asp	Ser	Cys	Asn	Asn	Phe	Met	Leu	Thr	Tyr	Asn	Lys	Val	Glu
2645						2650					2655			
Asn	Met	Thr	Pro	Arg	Asp	Leu	Gly	Ala	Cys	Ile	Asp	Cys	Asn	Ala
2660						2665					2670			
Arg	His	Ile	Asn	Ala	Gln	Val	Ala	Lys	Ser	His	Asn	Val	Ser	Leu
2675						2680					2685			
Ile	Trp	Asn	Val	Lys	Asp	Tyr	Met	Ser	Leu	Ser	Glu	Gln	Leu	Arg
2690						2695					2700			
Lys	Gln	Ile	Arg	Ser	Ala	Ala	Lys	Lys	Asn	Asn	Ile	Pro	Phe	Arg
2705						2710					2715			
Leu	Thr	Cys	Ala	Thr	Thr	Arg	Gln	Val	Val	Asn	Val	Ile	Thr	Thr
2720						2725					2730			
Lys	Ile	Ser	Leu	Lys	Gly	Gly	Lys	Ile	Val	Ser	Thr	Cys	Phe	Lys
2735						2740					2745			
Leu	Met	Leu	Lys	Ala	Thr	Leu	Leu	Cys	Val	Leu	Ala	Ala	Leu	Val
2750						2755					2760			
Cys	Tyr	Ile	Val	Met	Pro	Val	His	Thr	Leu	Ser	Ile	His	Asp	Gly
2765						2770					2775			
Tyr	Thr	Asn	Glu	Ile	Ile	Gly	Tyr	Lys	Ala	Ile	Gln	Asp	Gly	Val
2780						2785					2790			
Thr	Arg	Asp	Ile	Ile	Ser	Thr	Asp	Asp	Cys	Phe	Ala	Asn	Lys	His
2795						2800					2805			
Ala	Gly	Phe	Asp	Ala	Trp	Phe	Ser	Gln	Arg	Gly	Gly	Ser	Tyr	Lys
2810						2815					2820			
Asn	Asp	Lys	Ser	Cys	Pro	Val	Val	Ala	Ala	Ile	Ile	Thr	Arg	Glu
2825						2830					2835			
Ile	Gly	Phe	Ile	Val	Pro	Gly	Leu	Pro	Gly	Thr	Val	Leu	Arg	Ala
2840						2845					2850			
Ile	Asn	Gly	Asp	Phe	Leu	His	Phe	Leu	Pro	Arg	Val	Phe	Ser	Ala
2855						2860					2865			

S226CAS111.ST25

Val Gly Asn Ile Cys Tyr Thr Pro Ser Lys Leu Ile Glu Tyr Ser
 2870 2875 2880
 Asp Phe Ala Thr Ser Ala Cys Val Leu Ala Ala Glu Cys Thr Ile
 2885 2890 2895
 Phe Lys Asp Ala Met Gly Lys Pro Val Pro Tyr Cys Tyr Asp Thr
 2900 2905 2910
 Asn Leu Leu Glu Gly Ser Ile Ser Tyr Ser Glu Leu Arg Pro Asp
 2915 2920 2925
 Thr Arg Tyr Val Leu Met Asp Gly Ser Ile Ile Gln Phe Pro Asn
 2930 2935 2940
 Thr Tyr Leu Glu Gly Ser Val Arg Val Val Thr Thr Phe Asp Ala
 2945 2950 2955
 Glu Tyr Cys Arg His Gly Thr Cys Glu Arg Ser Glu Val Gly Ile
 2960 2965 2970
 Cys Leu Ser Thr Ser Gly Arg Trp Val Leu Asn Asn Glu His Tyr
 2975 2980 2985
 Arg Ala Leu Ser Gly Val Phe Cys Gly Val Asp Ala Met Asn Leu
 2990 2995 3000
 Ile Ala Asn Ile Phe Thr Pro Leu Val Gln Pro Val Gly Ala Leu
 3005 3010 3015
 Asp Val Ser Ala Ser Val Val Ala Gly Gly Ile Ile Ala Ile Leu
 3020 3025 3030
 Val Thr Cys Ala Ala Tyr Tyr Phe Met Lys Phe Arg Arg Val Phe
 3035 3040 3045
 Gly Glu Tyr Asn His Val Val Ala Ala Asn Ala Leu Leu Phe Leu
 3050 3055 3060
 Met Ser Phe Thr Ile Leu Cys Leu Val Pro Ala Tyr Ser Phe Leu
 3065 3070 3075
 Pro Gly Val Tyr Ser Val Phe Tyr Leu Tyr Leu Thr Phe Tyr Phe
 3080 3085 3090
 Thr Asn Asp Val Ser Phe Leu Ala His Leu Gln Trp Phe Ala Met
 3095 3100 3105
 Phe Ser Pro Ile Val Pro Phe Trp Ile Thr Ala Ile Tyr Val Phe
 3110 3115 3120

S226CAS111.ST25

Cys Ile Ser Leu Lys His Cys His Trp Phe Phe Asn Asn Tyr Leu
 3125 3130 3135
 Arg Lys Arg Val Met Phe Asn Gly Val Thr Phe Ser Thr Phe Glu
 3140 3145 3150
 Glu Ala Ala Leu Cys Thr Phe Leu Leu Asn Lys Glu Met Tyr Leu
 3155 3160 3165
 Lys Leu Arg Ser Glu Thr Leu Leu Pro Leu Thr Gln Tyr Asn Arg
 3170 3175 3180
 Tyr Leu Ala Leu Tyr Asn Lys Tyr Lys Tyr Phe Ser Gly Ala Leu
 3185 3190 3195
 Asp Thr Thr Ser Tyr Arg Glu Ala Ala Cys Cys His Leu Ala Lys
 3200 3205 3210
 Ala Leu Asn Asp Phe Ser Asn Ser Gly Ala Asp Val Leu Tyr Gln
 3215 3220 3225
 Pro Pro Gln Thr Ser Ile Thr Ser Ala Val Leu Gln Ser Gly Phe
 3230 3235 3240
 Arg Lys Met Ala Phe Pro Ser Gly Lys Val Glu Gly Cys Met Val
 3245 3250 3255
 Gln Val Thr Cys Gly Thr Thr Thr Leu Asn Gly Leu Trp Leu Asp
 3260 3265 3270
 Asp Thr Val Tyr Cys Pro Arg His Val Ile Cys Thr Ala Glu Asp
 3275 3280 3285
 Met Leu Asn Pro Asn Tyr Glu Asp Leu Leu Ile Arg Lys Ser Asn
 3290 3295 3300
 His Ser Phe Leu Val Gln Ala Gly Asn Val Gln Leu Arg Val Ile
 3305 3310 3315
 Gly His Ser Met Gln Asn Cys Leu Leu Arg Leu Lys Val Asp Thr
 3320 3325 3330
 Ser Asn Pro Lys Thr Pro Lys Tyr Lys Phe Val Arg Ile Gln Pro
 3335 3340 3345
 Gly Gln Thr Phe Ser Val Leu Ala Cys Tyr Asn Gly Ser Pro Ser
 3350 3355 3360
 Gly Val Tyr Gln Cys Ala Met Arg Pro Asn His Thr Ile Lys Gly
 3365 3370 3375

S226CAS111.ST25

Ser Phe Leu Asn Gly Ser Cys Gly Ser Val Gly Phe Asn Ile Asp
 3380 3385 3390
 Tyr Asp Cys Val Ser Phe Cys Tyr Met His His Met Glu Leu Pro
 3395 3400 3405
 Thr Gly Val His Ala Gly Thr Asp Leu Glu Gly Lys Phe Tyr Gly
 3410 3415 3420
 Pro Phe Val Asp Arg Gln Thr Ala Gln Ala Ala Gly Thr Asp Thr
 3425 3430 3435
 Thr Ile Thr Leu Asn Val Leu Ala Trp Leu Tyr Ala Ala Val Ile
 3440 3445 3450
 Asn Gly Asp Arg Trp Phe Leu Asn Arg Phe Thr Thr Thr Leu Asn
 3455 3460 3465
 Asp Phe Asn Leu Val Ala Met Lys Tyr Asn Tyr Glu Pro Leu Thr
 3470 3475 3480
 Gln Asp His Val Asp Ile Leu Gly Pro Leu Ser Ala Gln Thr Gly
 3485 3490 3495
 Ile Ala Val Leu Asp Met Cys Ala Ala Leu Lys Glu Leu Leu Gln
 3500 3505 3510
 Asn Gly Met Asn Gly Arg Thr Ile Leu Gly Ser Thr Ile Leu Glu
 3515 3520 3525
 Asp Glu Phe Thr Pro Phe Asp Val Val Arg Gln Cys Ser Gly Val
 3530 3535 3540
 Thr Phe Gln Gly Lys Phe Lys Lys Ile Val Lys Gly Thr His His
 3545 3550 3555
 Trp Met Leu Leu Thr Phe Leu Thr Ser Leu Leu Ile Leu Val Gln
 3560 3565 3570
 Ser Thr Gln Trp Ser Leu Phe Phe Phe Val Tyr Glu Asn Ala Phe
 3575 3580 3585
 Leu Pro Phe Thr Leu Gly Ile Met Ala Ile Ala Ala Cys Ala Met
 3590 3595 3600
 Leu Leu Val Lys His Lys His Ala Phe Leu Cys Leu Phe Leu Leu
 3605 3610 3615
 Pro Ser Leu Ala Thr Val Ala Tyr Phe Asn Met Val Tyr Met Pro
 3620 3625 3630

S226CAS111.ST25

Ala Ser Trp Val Met Arg Ile Met Thr Trp Leu Glu Leu Ala Asp
 3635 3640 3645

Thr Ser Leu Ser Gly Tyr Arg Leu Lys Asp Cys Val Met Tyr Ala
 3650 3655 3660

Ser Ala Leu Val Leu Leu Ile Leu Met Thr Ala Arg Thr Val Tyr
 3665 3670 3675

Asp Asp Ala Ala Arg Arg Val Trp Thr Leu Met Asn Val Ile Thr
 3680 3685 3690

Leu Val Tyr Lys Val Tyr Tyr Gly Asn Ala Leu Asp Gln Ala Ile
 3695 3700 3705

Ser Met Trp Ala Leu Val Ile Ser Val Thr Ser Asn Tyr Ser Gly
 3710 3715 3720

Val Val Thr Thr Ile Met Phe Leu Ala Arg Ala Ile Val Phe Val
 3725 3730 3735

Cys Val Glu Tyr Tyr Pro Leu Leu Phe Ile Thr Gly Asn Thr Leu
 3740 3745 3750

Gln Cys Ile Met Leu Val Tyr Cys Phe Leu Gly Tyr Cys Cys Cys
 3755 3760 3765

Cys Tyr Phe Gly Leu Phe Cys Leu Leu Asn Arg Tyr Phe Arg Leu
 3770 3775 3780

Thr Leu Gly Val Tyr Asp Tyr Leu Val Ser Thr Gln Glu Phe Arg
 3785 3790 3795

Tyr Met Asn Ser Gln Gly Leu Leu Pro Pro Lys Ser Ser Ile Asp
 3800 3805 3810

Ala Phe Lys Leu Asn Ile Lys Leu Leu Gly Ile Gly Gly Lys Pro
 3815 3820 3825

Cys Ile Lys Val Ala Thr Val Gln Ser Lys Met Ser Asp Val Lys
 3830 3835 3840

Cys Thr Ser Val Val Leu Leu Ser Val Leu Gln Gln Leu Arg Val
 3845 3850 3855

Glu Ser Ser Ser Lys Leu Trp Ala Gln Cys Val Gln Leu His Asn
 3860 3865 3870

Asp Ile Leu Leu Ala Lys Asp Thr Thr Glu Ala Phe Glu Lys Met
 3875 3880 3885

S226CAS111.ST25

Val Ser Leu Leu Ser Val Leu Leu Ser Met Gln Gly Ala Val Asp
 3890 3895 3900
 Ile Asn Arg Leu Cys Glu Glu Met Leu Asp Asn Arg Ala Thr Leu
 3905 3910 3915
 Gln Ala Ile Ala Ser Glu Phe Ser Ser Leu Pro Ser Tyr Ala Ala
 3920 3925 3930
 Tyr Ala Thr Ala Gln Glu Ala Tyr Glu Gln Ala Val Ala Asn Gly
 3935 3940 3945
 Asp Ser Glu Val Val Leu Lys Lys Leu Lys Lys Ser Leu Asn Val
 3950 3955 3960
 Ala Lys Ser Glu Phe Asp Arg Asp Ala Ala Met Gln Arg Lys Leu
 3965 3970 3975
 Glu Lys Met Ala Asp Gln Ala Met Thr Gln Met Tyr Lys Gln Ala
 3980 3985 3990
 Arg Ser Glu Asp Lys Arg Ala Lys Val Thr Ser Ala Met Gln Thr
 3995 4000 4005
 Met Leu Phe Thr Met Leu Arg Lys Leu Asp Asn Asp Ala Leu Asn
 4010 4015 4020
 Asn Ile Ile Asn Asn Ala Arg Asp Gly Cys Val Pro Leu Asn Ile
 4025 4030 4035
 Ile Pro Leu Thr Thr Ala Ala Lys Leu Met Val Val Val Pro Asp
 4040 4045 4050
 Tyr Gly Thr Tyr Lys Asn Thr Cys Asp Gly Asn Thr Phe Thr Tyr
 4055 4060 4065
 Ala Ser Ala Leu Trp Glu Ile Gln Gln Val Val Asp Ala Asp Ser
 4070 4075 4080
 Lys Ile Val Gln Leu Ser Glu Ile Asn Met Asp Asn Ser Pro Asn
 4085 4090 4095
 Leu Ala Trp Pro Leu Ile Val Thr Ala Leu Arg Ala Asn Ser Ala
 4100 4105 4110
 Val Lys Leu Gln Asn Asn Glu Leu Ser Pro Val Ala Leu Arg Gln
 4115 4120 4125
 Met Ser Cys Ala Ala Gly Thr Thr Gln Thr Ala Cys Thr Asp Asp
 4130 4135 4140

S226CAS111.ST25

Asn Ala Leu Ala Tyr Tyr Asn Asn Ser Lys Gly Gly Arg Phe Val
 4145 4150 4155
 Leu Ala Leu Leu Ser Asp His Gln Asp Leu Lys Trp Ala Arg Phe
 4160 4165 4170
 Pro Lys Ser Asp Gly Thr Gly Thr Ile Tyr Thr Glu Leu Glu Pro
 4175 4180 4185
 Pro Cys Arg Phe Val Thr Asp Thr Pro Lys Gly Pro Lys Val Lys
 4190 4195 4200
 Tyr Leu Tyr Phe Ile Lys Gly Leu Asn Asn Leu Asn Arg Gly Met
 4205 4210 4215
 Val Leu Gly Ser Leu Ala Ala Thr Val Arg Leu Gln Ala Gly Asn
 4220 4225 4230
 Ala Thr Glu Val Pro Ala Asn Ser Thr Val Leu Ser Phe Cys Ala
 4235 4240 4245
 Phe Ala Val Asp Pro Ala Lys Ala Tyr Lys Asp Tyr Leu Ala Ser
 4250 4255 4260
 Gly Gly Gln Pro Ile Thr Asn Cys Val Lys Met Leu Cys Thr His
 4265 4270 4275
 Thr Gly Thr Gly Gln Ala Ile Thr Val Thr Pro Glu Ala Asn Met
 4280 4285 4290
 Asp Gln Glu Ser Phe Gly Gly Ala Ser Cys Cys Leu Tyr Cys Arg
 4295 4300 4305
 Cys His Ile Asp His Pro Asn Pro Lys Gly Phe Cys Asp Leu Lys
 4310 4315 4320
 Gly Lys Tyr Val Gln Ile Pro Thr Thr Cys Ala Asn Asp Pro Val
 4325 4330 4335
 Gly Phe Thr Leu Arg Asn Thr Val Cys Thr Val Cys Gly Met Trp
 4340 4345 4350
 Lys Gly Tyr Gly Cys Ser Cys Asp Gln Leu Arg Glu Pro Leu Met
 4355 4360 4365
 Gln Ser Ala Asp Ala Ser Thr Phe Leu Asn Gly Phe Ala Val
 4370 4375 4380

<210> 75<211> 2695<212> PRT<213> CORONAVIRUS<400> 75

Arg Val Cys Gly Val Ser Ala Ala Arg Leu Thr Pro Cys Gly Thr Gly
Page 92

1	5	10	15
---	---	----	----

Page 93

275 S226CAS111.ST25 280 285

Cys Ile Asn Cys Leu Asp Asp Arg Cys Ile Leu His Cys Ala Asn Phe
290 295 300

Asn Val Leu Phe Ser Thr Val Phe Pro Pro Thr Ser Phe Gly Pro Leu
305 310 315 320

Val Arg Lys Ile Phe Val Asp Gly Val Pro Phe Val Val Ser Thr Gly
325 330 335

Tyr His Phe Arg Glu Leu Gly Val Val His Asn Gln Asp Val Asn Leu
340 345 350

His Ser Ser Arg Leu Ser Phe Lys Glu Leu Leu Val Tyr Ala Ala Asp
355 360 365

Pro Ala Met His Ala Ala Ser Gly Asn Leu Leu Leu Asp Lys Arg Thr
370 375 380

Thr Cys Phe Ser Val Ala Ala Leu Thr Asn Asn Val Ala Phe Gln Thr
385 390 395 400

Val Lys Pro Gly Asn Phe Asn Lys Asp Phe Tyr Asp Phe Ala Val Ser
405 410 415

Lys Gly Phe Phe Lys Glu Gly Ser Ser Val Glu Leu Lys His Phe Phe
420 425 430

Phe Ala Gln Asp Gly Asn Ala Ala Ile Ser Asp Tyr Asp Tyr Tyr Arg
435 440 445

Tyr Asn Leu Pro Thr Met Cys Asp Ile Arg Gln Leu Leu Phe Val Val
450 455 460

Glu Val Val Asp Lys Tyr Phe Asp Cys Tyr Asp Gly Gly Cys Ile Asn
465 470 475 480

Ala Asn Gln Val Ile Val Asn Asn Leu Asp Lys Ser Ala Gly Phe Pro
485 490 495

Phe Asn Lys Trp Gly Lys Ala Arg Leu Tyr Tyr Asp Ser Met Ser Tyr
500 505 510

Glu Asp Gln Asp Ala Leu Phe Ala Tyr Thr Lys Arg Asn Val Ile Pro
515 520 525

Thr Ile Thr Gln Met Asn Leu Lys Tyr Ala Ile Ser Ala Lys Asn Arg
530 535 540

Ala Arg Thr Val Ala Gly Val Ser Ile Cys Ser Thr Met Thr Asn Arg
Page 94

545

550

560

Gln Phe His Gln Lys Leu Leu Lys Ser Ile Ala Ala Thr Arg Gly Ala
565 570 575

Thr Val Val Ile Gly Thr Ser Lys Phe Tyr Gly Gly Trp His Asn Met
580 585 590

Leu Lys Thr Val Tyr Ser Asp Val Glu Thr Pro His Leu Met Gly Trp
595 600 605

Asp Tyr Pro Lys Cys Asp Arg Ala Met Pro Asn Met Leu Arg Ile Met
610 615 620

Ala Ser Leu Val Leu Ala Arg Lys His Asn Thr Cys Cys Asn Leu Ser
625 630 635 640

His Arg Phe Tyr Arg Leu Ala Asn Glu Cys Ala Gln Val Leu Ser Glu
645 650 655

Met Val Met Cys Gly Gly Ser Leu Tyr Val Lys Pro Gly Gly Thr Ser
660 665 670

Ser Gly Asp Ala Thr Thr Ala Tyr Ala Asn Ser Val Phe Asn Ile Cys
675 680 685

Gln Ala Val Thr Ala Asn Val Asn Ala Leu Leu Ser Thr Asp Gly Asn
690 695 700

Lys Ile Ala Asp Lys Tyr Val Arg Asn Leu Gln His Arg Leu Tyr Glu
705 710 715 720

Cys Leu Tyr Arg Asn Arg Asp Val Asp His Glu Phe Val Asp Glu Phe
725 730 735

Tyr Ala Tyr Leu Arg Lys His Phe Ser Met Met Ile Leu Ser Asp Asp
740 745 750

Ala Val Val Cys Tyr Asn Ser Asn Tyr Ala Ala Gln Gly Leu Val Ala
755 760 765

Ser Ile Lys Asn Phe Lys Ala Val Leu Tyr Tyr Gln Asn Asn Val Phe
770 775 780

Met Ser Glu Ala Lys Cys Trp Thr Glu Thr Asp Leu Thr Lys Gly Pro
785 790 795 800

His Glu Phe Cys Ser Gln His Thr Met Leu Val Lys Gln Gly Asp Asp
805 810 815

Tyr Val Tyr Leu Pro Tyr Pro Asp Pro Ser Arg Ile Leu Gly Ala Gly
Page 95

S226CAS111.ST25

820 825 830

Cys Phe Val Asp Asp Ile Val Lys Thr Asp Gly Thr Leu Met Ile Glu
835 840 845

Arg Phe Val Ser Leu Ala Ile Asp Ala Tyr Pro Leu Thr Lys His Pro
850 855 860

Asn Gln Glu Tyr Ala Asp Val Phe His Leu Tyr Leu Gln Tyr Ile Arg
865 870 875 880

Lys Leu His Asp Glu Leu Thr Gly His Met Leu Asp Met Tyr Ser Val
885 890 895

Met Leu Thr Asn Asp Asn Thr Ser Arg Tyr Trp Glu Pro Glu Phe Tyr
900 905 910

Glu Ala Met Tyr Thr Pro His Thr Val Leu Gln Ala Val Gly Ala Cys
915 920 925

Val Leu Cys Asn Ser Gln Thr Ser Leu Arg Cys Gly Ala Cys Ile Arg
930 935 940

Arg Pro Phe Leu Cys Cys Lys Cys Cys Tyr Asp His Val Ile Ser Thr
945 950 955 960

Ser His Lys Leu Val Leu Ser Val Asn Pro Tyr Val Cys Asn Ala Pro
965 970 975

Gly Cys Asp Val Thr Asp Val Thr Gln Leu Tyr Leu Gly Gly Met Ser
980 985 990

Tyr Tyr Cys Lys Ser His Lys Pro Pro Ile Ser Phe Pro Leu Cys Ala
995 1000 1005

Asn Gly Gln Val Phe Gly Leu Tyr Lys Asn Thr Cys Val Gly Ser
1010 1015 1020

Asp Asn Val Thr Asp Phe Asn Ala Ile Ala Thr Cys Asp Trp Thr
1025 1030 1035

Asn Ala Gly Asp Tyr Ile Leu Ala Asn Thr Cys Thr Glu Arg Leu
1040 1045 1050

Lys Leu Phe Ala Ala Glu Thr Leu Lys Ala Thr Glu Glu Thr Phe
1055 1060 1065

Lys Leu Ser Tyr Gly Ile Ala Thr Val Arg Glu Val Leu Ser Asp
1070 1075 1080

Arg Glu Leu His Leu Ser Trp Glu Val Gly Lys Pro Arg Pro Pro

1085

1090

Leu Asn Arg Asn Tyr Val Phe Thr Gly Tyr Arg Val Thr Lys Asn
1100 1105 1110

Ser Lys Val Gln Ile Gly Glu Tyr Thr Phe Glu Lys Gly Asp Tyr
1115 1120 1125

Gly Asp Ala Val Val Tyr Arg Gly Thr Thr Thr Tyr Lys Leu Asn
1130 1135 1140

Val Gly Asp Tyr Phe Val Leu Thr Ser His Thr Val Met Pro Leu
1145 1150 1155

Ser Ala Pro Thr Leu Val Pro Gln Glu His Tyr Val Arg Ile Thr
1160 1165 1170

Gly Leu Tyr Pro Thr Leu Asn Ile Ser Asp Glu Phe Ser Ser Asn
1175 1180 1185

Val Ala Asn Tyr Gln Lys Val Gly Met Gln Lys Tyr Ser Thr Leu
1190 1195 1200

Gln Gly Pro Pro Gly Thr Gly Lys Ser His Phe Ala Ile Gly Leu
1205 1210 1215

Ala Leu Tyr Tyr Pro Ser Ala Arg Ile Val Tyr Thr Ala Cys Ser
1220 1225 1230

His Ala Ala Val Asp Ala Leu Cys Glu Lys Ala Leu Lys Tyr Leu
1235 1240 1245

Pro Ile Asp Lys Cys Ser Arg Ile Ile Pro Ala Arg Ala Arg Val
1250 1255 1260

Glu Cys Phe Asp Lys Phe Lys Val Asn Ser Thr Leu Glu Gln Tyr
1265 1270 1275

Val Phe Cys Thr Val Asn Ala Leu Pro Glu Thr Thr Ala Asp Ile
1280 1285 1290

Val Val Phe Asp Glu Ile Ser Met Ala Thr Asn Tyr Asp Leu Ser
1295 1300 1305

Val Val Asn Ala Arg Leu Arg Ala Lys His Tyr Val Tyr Ile Gly
1310 1315 1320

Asp Pro Ala Gln Leu Pro Ala Pro Arg Thr Leu Leu Thr Lys Gly
1325 1330 1335

Thr Leu Glu Pro Glu Tyr Phe Asn Ser Val Cys Arg Leu Met Lys

S226CAS111.ST25

1595

1600

1605

Ala Trp Ile Gly Phe Asp Val Glu Gly Cys His Ala Thr Arg Asp
 1610 1615 1620

Ala Val Gly Thr Asn Leu Pro Leu Gln Leu Gly Phe Ser Thr Gly
 1625 1630 1635

Val Asn Leu Val Ala Val Pro Thr Gly Tyr Val Asp Thr Glu Asn
 1640 1645 1650

Asn Thr Glu Phe Thr Arg Val Asn Ala Lys Pro Pro Pro Gly Asp
 1655 1660 1665

Gln Phe Lys His Leu Ile Pro Leu Met Tyr Lys Gly Leu Pro Trp
 1670 1675 1680

Asn Val Val Arg Ile Lys Ile Val Gln Met Leu Ser Asp Thr Leu
 1685 1690 1695

Lys Gly Leu Ser Asp Arg Val Val Phe Val Leu Trp Ala His Gly
 1700 1705 1710

Phe Glu Leu Thr Ser Met Lys Tyr Phe Val Lys Ile Gly Pro Glu
 1715 1720 1725

Arg Thr Cys Cys Leu Cys Asp Lys Arg Ala Thr Cys Phe Ser Thr
 1730 1735 1740

Ser Ser Asp Thr Tyr Ala Cys Trp Asn His Ser Val Gly Phe Asp
 1745 1750 1755

Tyr Val Tyr Asn Pro Phe Met Ile Asp Val Gln Gln Trp Gly Phe
 1760 1765 1770

Thr Gly Asn Leu Gln Ser Asn His Asp Gln His Cys Gln Val His
 1775 1780 1785

Gly Asn Ala His Val Ala Ser Cys Asp Ala Ile Met Thr Arg Cys
 1790 1795 1800

Leu Ala Val His Glu Cys Phe Val Lys Arg Val Asp Trp Ser Val
 1805 1810 1815

Glu Tyr Pro Ile Ile Gly Asp Glu Leu Arg Val Asn Ser Ala Cys
 1820 1825 1830

Arg Lys Val Gln His Met Val Val Lys Ser Ala Leu Leu Ala Asp
 1835 1840 1845

Lys Phe Pro Val Leu His Asp Ile Gly Asn Pro Lys Ala Ile Lys

S226CAS111.ST25

1850 1855 1860
 Cys Val Pro Gln Ala Glu Val Glu Trp Lys Phe Tyr Asp Ala Gln
 1865 1870 1875
 Pro Cys Ser Asp Lys Ala Tyr Lys Ile Glu Glu Leu Phe Tyr Ser
 1880 1885 1890
 Tyr Ala Thr His His Asp Lys Phe Thr Asp Gly Val Cys Leu Phe
 1895 1900 1905
 Trp Asn Cys Asn Val Asp Arg Tyr Pro Ala Asn Ala Ile Val Cys
 1910 1915 1920
 Arg Phe Asp Thr Arg Val Leu Ser Asn Leu Asn Leu Pro Gly Cys
 1925 1930 1935
 Asp Gly Gly Ser Leu Tyr Val Asn Lys His Ala Phe His Thr Pro
 1940 1945 1950
 Ala Phe Asp Lys Ser Ala Phe Thr Asn Leu Lys Gln Leu Pro Phe
 1955 1960 1965
 Phe Tyr Tyr Ser Asp Ser Pro Cys Glu Ser His Gly Lys Gln Val
 1970 1975 1980
 Val Ser Asp Ile Asp Tyr Val Pro Leu Lys Ser Ala Thr Cys Ile
 1985 1990 1995
 Thr Arg Cys Asn Leu Gly Gly Ala Val Cys Arg His His Ala Asn
 2000 2005 2010
 Glu Tyr Arg Gln Tyr Leu Asp Ala Tyr Asn Met Met Ile Ser Ala
 2015 2020 2025
 Gly Phe Ser Leu Trp Ile Tyr Lys Gln Phe Asp Thr Tyr Asn Leu
 2030 2035 2040
 Trp Asn Thr Phe Thr Arg Leu Gln Ser Leu Glu Asn Val Ala Tyr
 2045 2050 2055
 Asn Val Val Asn Lys Gly His Phe Asp Gly His Ala Gly Glu Ala
 2060 2065 2070
 Pro Val Ser Ile Ile Asn Asn Ala Val Tyr Thr Lys Val Asp Gly
 2075 2080 2085
 Ile Asp Val Glu Ile Phe Glu Asn Lys Thr Thr Leu Pro Val Asn
 2090 2095 2100
 Val Ala Phe Glu Leu Trp Ala Lys Arg Asn Ile Lys Pro Val Pro
 Page 100

S226CAS111.ST25

2105 2110 2115
 Glu Ile Lys Ile Leu Asn Asn Leu Gly Val Asp Ile Ala Ala Asn
 2120 2125 2130
 Thr Val Ile Trp Asp Tyr Lys Arg Glu Ala Pro Ala His Val Ser
 2135 2140 2145
 Thr Ile Gly Val Cys Thr Met Thr Asp Ile Ala Lys Lys Pro Thr
 2150 2155 2160
 Glu Ser Ala Cys Ser Ser Leu Thr Val Leu Phe Asp Gly Arg Val
 2165 2170 2175
 Glu Gly Gln Val Asp Leu Phe Arg Asn Ala Arg Asn Gly Val Leu
 2180 2185 2190
 Ile Thr Glu Gly Ser Val Lys Gly Leu Thr Pro Ser Lys Gly Pro
 2195 2200 2205
 Ala Gln Ala Ser Val Asn Gly Val Thr Leu Ile Gly Glu Ser Val
 2210 2215 2220
 Lys Thr Gln Phe Asn Tyr Phe Lys Lys Val Asp Gly Ile Ile Gln
 2225 2230 2235
 Gln Leu Pro Glu Thr Tyr Phe Thr Gln Ser Arg Asp Leu Glu Asp
 2240 2245 2250
 Phe Lys Pro Arg Ser Gln Met Glu Thr Asp Phe Leu Glu Leu Ala
 2255 2260 2265
 Met Asp Glu Phe Ile Gln Arg Tyr Lys Leu Glu Gly Tyr Ala Phe
 2270 2275 2280
 Glu His Ile Val Tyr Gly Asp Phe Ser His Gly Gln Leu Gly Gly
 2285 2290 2295
 Leu His Leu Met Ile Gly Leu Ala Lys Arg Ser Gln Asp Ser Pro
 2300 2305 2310
 Leu Lys Leu Glu Asp Phe Ile Pro Met Asp Ser Thr Val Lys Asn
 2315 2320 2325
 Tyr Phe Ile Thr Asp Ala Gln Thr Gly Ser Ser Lys Cys Val Cys
 2330 2335 2340
 Ser Val Ile Asp Leu Leu Leu Asp Asp Phe Val Glu Ile Ile Lys
 2345 2350 2355
 Ser Gln Asp Leu Ser Val Ile Ser Lys Val Val Lys Val Thr Ile

S226CAS111.ST25

2360

2365

2370

Asp Tyr Ala Glu Ile Ser Phe Met Leu Trp Cys Lys Asp Gly His
 2375 2380 2385

Val Glu Thr Phe Tyr Pro Lys Leu Gln Ala Ser Gln Ala Trp Gln
 2390 2395 2400

Pro Gly Val Ala Met Pro Asn Leu Tyr Lys Met Gln Arg Met Leu
 2405 2410 2415

Leu Glu Lys Cys Asp Leu Gln Asn Tyr Gly Glu Asn Ala Val Ile
 2420 2425 2430

Pro Lys Gly Ile Met Met Asn Val Ala Lys Tyr Thr Gln Leu Cys
 2435 2440 2445

Gln Tyr Leu Asn Thr Leu Thr Leu Ala Val Pro Tyr Asn Met Arg
 2450 2455 2460

Val Ile His Phe Gly Ala Gly Ser Asp Lys Gly Val Ala Pro Gly
 2465 2470 2475

Thr Ala Val Leu Arg Gln Trp Leu Pro Thr Gly Thr Leu Leu Val
 2480 2485 2490

Asp Ser Asp Leu Asn Asp Phe Val Ser Asp Ala Asp Ser Thr Leu
 2495 2500 2505

Ile Gly Asp Cys Ala Thr Val His Thr Ala Asn Lys Trp Asp Leu
 2510 2515 2520

Ile Ile Ser Asp Met Tyr Asp Pro Arg Thr Lys His Val Thr Lys
 2525 2530 2535

Glu Asn Asp Ser Lys Glu Gly Phe Phe Thr Tyr Leu Cys Gly Phe
 2540 2545 2550

Ile Lys Gln Lys Leu Ala Leu Gly Gly Ser Ile Ala Val Lys Ile
 2555 2560 2565

Thr Glu His Ser Trp Asn Ala Asp Leu Tyr Lys Leu Met Gly His
 2570 2575 2580

Phe Ser Trp Trp Thr Ala Phe Val Thr Asn Val Asn Ala Ser Ser
 2585 2590 2595

Ser Glu Ala Phe Leu Ile Gly Ala Asn Tyr Leu Gly Lys Pro Lys
 2600 2605 2610

Glu Gln Ile Asp Gly Tyr Thr Met His Ala Asn Tyr Ile Phe Trp

S226CAS111.ST25
2625

2615

2620

Arg Asn Thr Asn Pro Ile Gln Leu Ser Ser Tyr Ser Leu Phe Asp
2630 2635 2640

Met Ser Lys Phe Pro Leu Lys Leu Arg Gly Thr Ala Val Met Ser
2645 2650 2655

Leu Lys Glu Asn Gln Ile Asn Asp Met Ile Tyr Ser Leu Leu Glu
2660 2665 2670

Lys Gly Arg Leu Ile Ile Arg Glu Asn Asn Arg Val Val Val Ser
2675 2680 2685

Ser Asp Ile Leu Val Asn Asn
2690 2695

PCTFR2004/003106



**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ BLACK BORDERS
- ☒ IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- ☒ FADED TEXT OR DRAWING
- ☒ BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING
- ☒ SKEWED/SLANTED IMAGES
- ☐ COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS
- ☐ GRAY SCALE DOCUMENTS
- ☒ LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT
- ☐ REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY
- ☐ OTHER: _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.